WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47669

A2 (43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

NL, PT, SE).

23. September 1999 (23.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/00908

(22) Internationales Anmeldedatum:

19. März 1999 (19.03.99)

DE

(30) Prioritätsdaten:

198 13 839.3

20. März 1998 (20.03.98)

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC,

(81) Bestlimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE,

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/11, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS

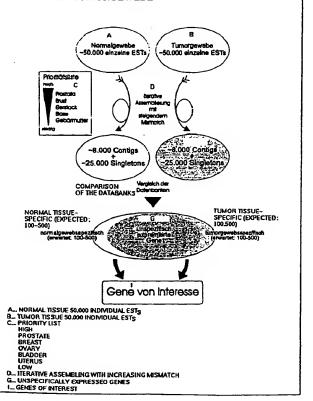
(54) Bezelchnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschnieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
ΑU	Australien	GΛ	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Моласо	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonlen	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungam	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten vo
CA	Kanada	ΙT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neusceland	7.W	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

WO 99/47669 PCT/DE99/00908

M nschliche Nukleinsäureseguenzen aus Brusttumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

- Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufug nicht zu einer vollständigen Heilung.
- Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
 - Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeg-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

20

 eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 40 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspravis

63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, \$\phi\$X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- 20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacl, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-l.
- Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
 - Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
 - Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
 - Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
 - Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
 - Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

30

40

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

5

10

15

20

50

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
- Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
- Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.
- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeign ten Promotoren und/ oder Enhancern.

- Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

_	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vollegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und
5	ORF =	genomische Gene (Chromosomen). Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren,
	0141 -	die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden
10		können (Consensus).
	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen
15		vorkommt
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
20	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	
	minimal initial match=
	maximum pads per read=

minimaler anfänglicher Identitätsbereich maximale Anzahl von Insertionen maximale Abweichung in %

30

Erklärung der Abbildungen

maximum percent mismatch=

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

WO 99/47669 PCT/DE99/00908

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

15

20

25

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeg-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittett. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorhengen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Seguenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

30

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

45

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST
 (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25 **2.1.1**

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

E		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		-	%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0102	0.0000 undef
		0.0053	0.0458	0.1165 8.5843
	Eierstock		0.0338	0.0899 11.1243
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0143	0.2714 3.6843
	Gehirn	-	0.0099	0.8601 1.1626
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
13		0.0074	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0117 0.0024	0.0000 undef 1.5801 0.6329
	-	0.0037	0.0024	1.2599 0.7937
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett			0.2855 3.5025
20		0.0030	0.0120 0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.1066	0.0281 35.6161
	Prostata		0.0043	1.1186 0.8939
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie		0.0000	4.1461 0.0000
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
		FOETUS		
25		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	-	0.0000 0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	51mes01qane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe	0.0000		
	-	0.0082		•
	Gastrointestinal		•	
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0032		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
		0.0010		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

2.1.2.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft "macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
10
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                T/N
                                                           0.0616 16.2223
                          Blase 0.0093
                                              0.1508
                          Brust 0.0013
                                              0.0392
                                                           0.0340 29.4320
                     Eierstock 0.0152
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
             Endokrines Gewebe 0.0018
                                              0.0027
                                                           0.6698 1.4930
15
               Gastrointestinal 0.0174
                                              0.0048
                                                           3.6642 0.2729
                        Gehirn 0.0051
                                              0.0055
                                                           0.9289 1.0765
                                                           undef 0.0000
undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0993
                                              0.0000
                           Haut 0.0249
                                              0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0129
                                                           0.0000 undef
20
                                                           undef 0.0000
undef 0.0000
                           Herz 0.0053
                                              0.0000
                          Hoden 0.0061
                                              0.0000
                                              0.0307
                                                           0.8508 1.1753
                          Lunge 0.0261
            Magen-Speiseroehre 0.1062
                                              0.0230
                                                           4.6197 0.2165
                Muskel-Skelett 0.0171
                                              0.0180
                                                           0.9517 1.0508
25
                          Niere 0.0000
                                              0.0068
                                                           0.0000 undef
                       Pankreas 0.0114
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Penis 0.1258
                                              0.1600
                                                           0.7862 1.2720
                       Prostata 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                         Uterus 0.0826
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
30
             Brust-Hyperplasie 0.0036
                      Duenndarm 0,0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0000
                     Samenblase 0.0178
                   Sinnesorgane 0.0000
35
        Weisse_Blutkoerperchen 0.1018
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
40
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0062
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
45
                          Lunge 0.0037
                          Niere 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
               Eierstock-Uterus 0.0000
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0052
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0057
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0410
                         Nerven 0.0000
                       Prostata 0.0449
                   Sinnesorgane 0.0000
65
```

5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
15		0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
13		0.0013	0.0153	0.0874 11.4458
	Eierstock		0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0082	1.1163 0.8958
	Gastrointestinal		0.0095	1.2214 0.8187
20	Gehirn		0.0055	1.3934 0.7177
20	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	3.0606 0.3267
		0.0106	0.0000	undef 0.0000
25		0.0183	0.0000	undef 0.0000
25	,	0.0100	0.0024	4.2137 0.2373
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0060	0. 5 710 1 .7513
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0000	undef undef
30		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0085	0.5593 1.7879
	Uterus		0.0071	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie			
35	Duenndarm			
33	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
40				
70		FOETUS		
	P-4 1 14	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
45	Gehirn			
70	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse	_		
		0.0111		
		0.0000		
50	Prostata			
00	Sinnesorgane	0.0000		
		MODMTODED / CUT	TRAHIERTE BIE	A TOURENCH
		%Haeufigkeit	SIKWUIEKIE DIE	PLICITEDEN
	Bruch	0.0000		
55	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
		0.0065		
		0.0156		
	Nerven			
	Prostata			
65	Sinnesorgane			
	Jimesorgane	0.0000		

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

5	•			
•		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Hacufigkeit	
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust	0.0067	0.0174	0.3822 2.6162
10	Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233 4.4791
	Gastrointestina1	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964 0.3230
4-	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000
15		0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0064	0.0000	undef 0.0000
		0.0183	0.0000	undef 0.0000
20	Lunge Magen-Speiseroehre	0.0137	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett		0.0153 0.0120	0.6300 1.5874
		0.0030	0.0120	0.7138 1.4010 0.0868 11.5165
	Pankreas		0.0110	0.5143 1.9446
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata		0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus		0.0071	1.6246 0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
35		FOETUS		
	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal	%Haeufigkeit 0.0000		
	,	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092		
40	Gastrointenstinal	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188		
40	Gastrointenstinal Gehirn	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079		
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079		
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere	% Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000		
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	% Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000		
40 45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere	% Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000		
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	% Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000		
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	SLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane	*Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0000	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0093 0.0000 0.0114 0.0227 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	*Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE *Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0000 0.0114 0.0227 0.0000 0.0082	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45 50 55	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0000 0.0114 0.0227 0.0000 0.0082 0.00291	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	%Haeufigkeit 0.0000 0.0092 0.0188 0.0079 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0204 0.0091 0.0000 0.0000 0.0114 0.0227 0.0000 0.0082 0.0291 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0093	0.0256	0.3637 2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704 2.1256
	Eierstock		0.0104	0.8765 1.1409
	Endokrines_Gewebe		0.0490	0.5582 1.7916
10	Gastrointestinal		0.0095	1.2214 0.8187
. •	Gehirn		0.0164	1.2902 0.7751
	Haematopoetisch			
			0.0000	undef 0.0000
		0.0348	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0259	0.5739 1.7426
15		0.0191	0.0137	1.3873 0.7208
		0.0122	0.0000	undef 0.0000
	-	0.0162	0.0165	0.9782 1.0223
	Magen-Speiseroehre		0.0153	1.8899 0.5291
00	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710 1.7513
20	Niere	0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714 5.8337
	Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152 1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510 1.1751
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30				
00	Weisse_Blutkoerperchen	0.0216		
		FOETUS		
		*HAGUTIAKOIT		
35	Entwicklung	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung Gastrointenstinal	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000 0.0154		
35	Gastrointenstinal Gehirn	0.0000 0.0154 0.0125		
35	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000		,
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123		,
35 40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111		,
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124		,
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499		
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499		
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499		, -
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000		,
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0183	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0076	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0076	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0076 0.0488	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45 50	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0183 0.0000 0.0076 0.0488 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0183 0.0000 0.0076 0.0488 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45 50	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE % Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0183 0.0000 0.0488 0.0000 0.0259 0.0000	STRAHIERTE BIE	SLIOTHEKEN
40 45 50	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE % Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0183 0.0000 0.0488 0.0000 0.0259 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45 50	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE % Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0183 0.0000 0.0488 0.0000 0.0259 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45 50	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE % Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0183 0.0000 0.0488 0.0000 0.0259 0.0000 0.0259 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
40 45 50	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0000 0.0154 0.0125 0.0000 0.0123 0.0111 0.0124 0.0499 0.0000 NORMIERTE/SUE % Haeufigkeit 0.0000 0.0183 0.0000 0.0183 0.0000 0.0488 0.0000 0.0259 0.0000 0.0259 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	SLIOTHEKEN

5		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
		0.0000	0.0102	0.0000 undef
		0.0053	0.0196	0.2718 3.6790
10	Eierstock		0.0052	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe		0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal		0.0095	0.4071 2.4562
		0.0076	0.0033	2.3223 0.4306
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0050	0.0000	undef 0.0000
10	Hepatisch		0.0129	0.7651 1.3069
		0.0064	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0117	0.0000 undef
		0.0050	0.0142	0.3511 2.8478
20	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas		0.0055	0.6857 1.4584
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata		0.0128	1.3051 0.7662
20		0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
•	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0003		
25		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037		
		0.0062		
	Prostata			
45	Sinnesorgane	0.0000		
70				
		NODWIDDER (OVE		
			STRAHIERTE BIE	BLIOTHEREN
	Dwine	%Haeufigkeit 0.0000		
50	Eierstock-Uterus			
-	Endokrines Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		•
	-	0.0000		
	Prostata			
60	Sinnesorgane			
	ozimesorgane	4.0000		

10 Gastrointestinal 0.0233 0.0190 1.2214 0.818	5	Brust	0.0186 0.0147	TUMOR %Haeufigkeit 0.0051 0.0261	3.6370 0.2750 0.5606 1.7836
Haut	10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn	0.0456 0.0233 0.0314	0.0245 0.0190 0.0230	1.8605 0.5375 1.2214 0.8187 1.3639 0.7332
Magen-Speiseroehre	15	Haut Hepatisch Herz Hoden	0.0199 0.0050 0.0328 0.0183	0.0000 0.0388 0.0275 0.0351	undef 0.0000 0.1275 7.8416 1.1947 0.8373 0.5224 1.9146
Prostata 0.0167 0.0383 0.4350 2.298	20	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas	0.0193 0.0223 0.0208 0.0246	0.0460 0.0480 0.0205 0.0055	0.4200 2.3811 0.4639 2.1554 1.0130 0.9871 4.4569 0.2244
Samenblase 0.0356 Sinnesorgane 0.0000	25	Prostata Uterus Brust-Hyperplasie Duenndarm	0.0167 0.0231 0.0109 0.0125	0.0383	1.6846 0.5936 0.4350 2.2983 1.0831 0.9233
### Brust 0.0068 Eierstock-Uterus 0.0006 Endokrines_Gewebe 0.0006 Endokrines_Gewebe 0.0000 Gastrointestinal 0.0247 Brust 0.0082 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0093 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0114 Haut-Muskel 0.0097 Hoden 0.0082 Nerven 0.0100 Prostata 0.0000 Foetal 0.0093 Source Company Brust 0.0068 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0093 Gastrointestinal 0.0000 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0100 Prostata 0.0000	30	Samenblase Sinnesorgane	0.0356 0.0000		
### Herz-Blutgefaesse	35	Gastrointenstinal Gehirn	%Haeufigkeit 0.0307 0.0247 0.0375		
### ##################################	40	Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0204 0.0296 0.0185 0.0249		
Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0093 50 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0114 Haut-Muskel 0.0097 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0100 Prostata 0.0000	45		%Haeufigkeit 0.0068	STRAHIERTE BII	BLIOTHEKEN
Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0100 Prostata 0.0000	50	Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0000 0.0093 0.0000 0.0114		
	55	Hoden Lunge Nerven Prostata	0.0078 0.0082 0.0100 0.0000		

60

_				
5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0139	0.0281	0.49592.0163
		0.0080	0.0414	0.1931 5.1778
40	Eierstock	0.0122	0.0260	0.4674 2.1393
10	Endokrines_Gewebe		0.0354	0.7728 1.2940
	Gastrointestinal	0.0252	0.0333	0.7561 1.3226
	Gehirn	0.0237	0.0175	1.3547 0.7382
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.1693	0.0881 11.350
15	Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477 0.8713
	Herz	0.0381	0.0412	0.92491.0812
	Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0174	0.0615	0.2836 3.5259
	Magen-Speiseroehre		0.0383	0.2520 3.9685
20	Muskel-Skelett		0.0180	0.9517 1.0508
		0.0208	0.0548	0.3799 2.6323
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0180	0.1066	0.1685 5.9360
	Prostata		0.0213	0.5593 1.7879
25	Uterus		0.0285	0.4061 2.4622
	Brust-Hyperplasie		0.0203	0.4001 2.4022
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
•	Weisse_Blutkoerperchen			
	wersse_bruckoerberchen	0.0113		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0307		
	Gastrointenstinal	0.0216		
	Gehirn	0.0188		
	Haematopoetisch	0.0079		
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0259		
	-	0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45	· - · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
5 0		0.0068		
50	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0233		
	Gastrointestinal	0.0366		
EE	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0615		
	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0164		
	Nerven			
	Prostata	0.0192		
60	Sinnesorgane			

5		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltniss
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust	0.0053	0.0218	0.2446 4.0878
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745 0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349 2.9861
10	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784 0.2233
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0297	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4624 2.1624
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0324	0.0189	1.7118 0.5842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0208	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0214	0.0085	2.5169 0.3973
	Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
		FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0148		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
En	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
E E	Haut-Muskel	0.0130	•	
55		0.0000		
	Lunge	0.0246		
	Nerven			•
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

5		NORMAL SHapufickeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
•	Blase	0.0139	0.0179	0.7793 1.2831
		0.0133	0.0414	0.3219 3.1067
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0027	
10	Gastrointestinal		0.0048	2.6791 0.3733
	Gehirn		0.0153	1.2214 0.8187
	Haematopoetisch		0.0000	0.6082 1.6441
				undef 0.0000
		0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0129	0.3826 2.6139
		0.0085 0.0061	0.0137	0.6166 1.6218
			0.0117	0.5224 1.9144
		0.0237	0.0213	1.1120 0.8993
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0077	1.2599 0.7937
20			0.0180	0.5710 1.7513
20		0.0030	0.0479	0.0620 16.123
	Pankreas		0.0221	0.1714 5.8337
		0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata		0.0085	0.8390 1.1919
25	Uterus		0.0214	0.2321 4.3088
23	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331		
		FOETUS		
35	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haemaropoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40				
40	-	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
70		NORWIEDEE / aur		
		NORMIERTE/SUE	TRARIERTE BIE	BLIOTHEKEN
	D	%Haeufigkeit		
		0.0340		
50	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
JJ		0.0000		
		0.0656		
	Nerven	_		
	Prostata			
66	Sinnesorgane	0.0387		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
	Brust	0.0160	0.0545	0.2936 3.4065
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791 1.2836
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163 0.8958
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	-	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	· ·	0.0021	0.0275	0.0771 12.9744
		0.0061	C.0000	undef 0.0000
		0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0106	0.4475 2.2349
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie		0.000	under 0.0000
	Ouenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen			
		D000000		
		FOETUS		
35	D-4/-13	%Haeufigkeit		
JJ	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0074		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
70		MODMICE TO LOUI		D. Tofficum
		NORMIERTE/SUE	SIKWUIEKIE BI	BLIOIHEKEN
	Denet	%Haeufigkeit		
		0.0000		
50	Eierstock-Uterus			
00	Endokrines_Gewebe Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
-		0.0000		,
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	No shool to i ass
5	,		%Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
•	Rlase	0.0186	0.0128	1.4548 0.6874
		0.0093	0.0283	0.3293 3.0366
	Eierstock		0.0026	4.6745 0.2139
	Endokrines Gewebe		0.0136	1.7414 0.5742
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0120	0.5630 1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	3.0606 0.3267
15		0.0307	0.0275	1.1176 0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336 0.3797
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
20	Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286 4.3753
	Penis	0.0539	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292 1.5892
	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331 0.3192
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
	Samenblase	0.0534		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40	_	0.0370		
		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0204		
	Eierstock-Uterus	0.0114		
50	Endokrines Gewebe	0.0245		
	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000		
		0.0082		
	Nerven			•
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0155		
60	ŕ			
-				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0080	0.0261	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465 2.2395
40	Gastrointestinal		0.0048	1.6285 0.6141
10	Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953 1.0047
	Haemaropoetisch	0.0182	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef u ndef
	Hepatisch		0.0388	0.0000 undef
4 5		0.0042	0.0000	undef 0.0000
15		0.0061	0.0000	undef 0.0000
	•	0.0125	0.0165	0.7524 1.3290
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0149	0.0137	1.0854 0.9213
20	Pankreas		0.0055	0.3428 2.9168
		0.0090	0.0267	0.3369 2.9680
	Prostata		0.0341	1.5381 0.6501
	Uterus Print-Hunaralania		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
30				
		FOETUS		
•		%Haeufigkeit		
25	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40	-	0.0259		
70		0.0247		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0183		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0181		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
EE		0.0078		
55	_	0.0246		
	Nerven			
	Prostata	0.0705		

60

_	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0093	0.0102	0.9092 1.0998
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0381	0.1435 6.967
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071 2.456
		0.0076	0.0066	1.1612 0.861
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.000
	•	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0201	0.0000	undef 0.0000
. •		0.0122	0.0000	
		0.0100	0.0165	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.6020 1.6612
				0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0060	0.2855 3.5025
20		0.0119	0.0137	0.8683 1.151
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0128	0.7458 1.3409
25		0.0066	0.0142	0.4642 2.154
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0356		
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
		FOETUS		
		% Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0123		
	Gehirn	0.0188		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0185		
		0.0124		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
		0.01.0		
45				
		NORMIERTE/SUE	מדם שרמשונעמיים	I TOTUCKEN
		%Haeufigkeit	MANITERIE BIE	PRIOTIENEN
	Druct			
		0.0000		
50	Eierstock-Uterus			
00	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
Jü		0.0312		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0070		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000.		
60				
-				

65

5		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltniss
	Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
		0.0040	0.0240	0.1668 5.9954
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337 4.2786
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0095	2.8499 0.3509
		0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798 0.2646
00	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369 2.9680
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
25		0.0116	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
33	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	•	0.0074 0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Simesorgane	0.0000		
45			•	
. •		NORMIERTE/SUE	TRAHIEDTE BI	BI TOTUCKEN
		%Haeufigkeit	JIWHILLKIL DI.	DELOTIEREN
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			•
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000		
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60				

-		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0027	0.0196	0.13597.3580
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1461 6.8457
40	Endokrines_Gewebe		0.0109	1.6745 0.5972
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0099	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0 .0000	undef undef
45	Hepatisch		0.0065	0.7651 1.3069
15		0.0085	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0117	0.0000 undef
		0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett		0.0060	3.1406 0.3184
20		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0055	0.0000 undef
		0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata		0.0106	1.7898 0.5587
25	Uterus		0.0071	1,62460.6155
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0154		
	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	-	0.0074		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
45		NODATEDEC / OU		T TOMUCKEN
			STRAHIERTE BIE	STICINEKEN
	Denot	%Haeufigkeit 0.0136		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
-	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0037		
		0.0164		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60	ormesorgane	5.0000		

65

5		NORMAL	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
•	Rlase	0.0000	0.0000	N/T T/N undef undef
		0.0120	0.0763	0.1573 6.3588
	Eierstock		0.0234	2.5969 0.3851
	Endokrines Gewebe		0.0245	0.2977 3.3593
10	Gastrointestinal		0.1000	0.8724 1.1462
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0388	0.3826 2.6139
15		0.0011	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0050	0.0355	0.1405 7.1196
	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0166	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0958	0.1243 8.0455
	Uterus		0.0214	0.0774 12.9263
25	Brust-Hyperplasie			3.5.7.1 22.32.03
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0470		
30	Weisse_Blutkoerperchen			
		FOETUS		
0.5		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0247		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.00 0 0		
A.E.				
45				
			STRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
EΛ	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel	_		
55		0.0000		•
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
~~	Sinnesorgane	0.0000		
60				

5		0.0000 0.0040 0.0182 0.0164	TUMOR %Haeufigkeit 0.0051 0.0240 0.0078 0.0245 0.0190	Verhaeltnisse N/T T/N 0.0000 undef 0.1668 5.9954 2.3372 0.4279 0.6698 1.4930 1.1196 0.8932
10	Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch	0.0144 0.0056 0.0000 0.0248	0.0186 0.0000 0.0000 0.0065	0.7741 1.2918 undef 0.0000 undef undef 3.8257 0.2614
15	Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett	0.0120	0.0000 0.0000 0.0165 0.0230 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000 1.2039 0.8306 0.4200 2.3811 undef 0.0000
20	Pankreas	0.0150 0.0119	0.0137 0.0000 0.0000 0.0192 0.0142	0.8683 1.1517 undef 0.0000 undef 0.0000 0.6215 1.6091 0.9283 1.0772
25	Brust-Hyperplasie Duenndarm Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane	0.0093 0.0238 0.0178		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044 FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse	0.0000 0.0062 0.0125 0.0000 0.0000		
40				
45	Eierstock-Uterus	· ·	TRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
50	Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0058 0.0488 0.0114 0.0065		
55		0.0385		

60

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0067	0.0261	0.2548 3.9243
	Eierstock		0.0000	undef undef
40	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	•	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
	Pankreas			
			0.0055	0.0000 undef
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus		0.0000	undef 0.0000
20	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
		FOETUS		
25		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40		0.0000		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			

45				
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Arust	0.0068		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
55		0.0000		
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281 2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791 1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062 0.5536
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587 17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0020 0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404 0.2110
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1800 5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
20	Niere	0.0119	0.0274	0.4342 2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559 0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
• •	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070		
		FOETUS		
25		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0125		
	Gehirn Haematopoetisch	0.0125 0.0157		
40	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse	0.0125 0.0157 0.0041		
40	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037		
40	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000		
40	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000		
40	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000		
	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000		
40 45	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000		
	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114	STRAHIERTE BII	BLIOTHEKEN
	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000	STRAHIERTE BII	BLIOTHEKEN
45	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029 0.0000 0.0114	BTRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45 50	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029 0.0000 0.0114 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029 0.0000 0.0114 0.0000	ETRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45 50	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029 0.0000 0.0114 0.0000 0.0014	STRAHIERTE BII	BLIOTHEKEN
45 50	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0129 0.0000 0.0114 0.0000 0.0114 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
45 50	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029 0.0000 0.0114 0.0000 0.0014 0.0000 0.0000 0.0000	etrahierte bii	BLIOTHEKEN
45 50	Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden Lunge	0.0125 0.0157 0.0041 0.0037 0.0000 0.0000 0.0000 NORMIERTE/SUE %Haeufigkeit 0.0000 0.0114 0.0000 0.0029 0.0000 0.0114 0.0000 0.0014 0.0000 0.0000 0.0000	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN

5		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltniss
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499 0.3509
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021 1.6609
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0597	0.0000	undef 0.0000
4 =	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4624 2.1624
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000 undef
		0.0012	0.0095	0.1317 7.5943
	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.8399 1.1905
20	Muskel-Skelett		0.0060	1.1420 0.8756
20		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0213	0.6712 1.4899
25		0.0066	0.0000	undef 0.0000
23	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
		FOETUS		
35	Francis -)-1	%Haeufigkeit		
00	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gehirn		•	
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0037		
. •		0.0185		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
				
45				
		NORMIERTE/SUI	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0297		
50	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0222		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0077		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
5			%Haeufigkeit	
		0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
		0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock		0.0234	0.6492 1.5403
40	Endokrines_Gewebe		0.0327	0.4465 2.2395
10	Gastrointestinal		0.0095	3.0535 0.3275
	Gehirn	0.0203	0.0252	0.8078 1.2380
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
4.5	Lunge	0.0137	0.0118	1.1588 0.8630
15	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261 0.2919
	Niere	0.0327	0.0411	0.7960 1.2563
	Pankreas	0.0114	0.0221	0.5143 1.9446
	Penis	0.0329	0.0000	undef 0.0000
20	Prostata	0.0286	0.0234	1.2203 0.8195
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208 0.4309
	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
25	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
20				
30		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
25	Gehirn			
35	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0111		
		0.0124		
40	Prostata			
40	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SII	STRAHIERTE BIE	I TOTHEREN
		%Haeufigkeit	ALLEMANDES DES	
45	Arnot	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
50	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0156		
		0.0246		
55	Nerven			
30	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		

60 у

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0051	0.0000 undef
		0.0040	0.0131	0.3058 3.2702
	Eierstock		0.0052	0.0000 undef
40	Endokrines_Gewebe		0.0027	1.3396 0.7465
10	Gastrointestinal		0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn	_	0.0077	1.3270 0.7536
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0137	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0240	0.1428 7.0051
20		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0030	0.0267	0.1123 8.9040
	Prostata	-	0.0064	0.0000 undef
25		0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
20	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen			
	wellbo_blackoclpclccn	0.0020		
		FOETUS		
35	Entwicklung	%Haeufigkeit		
00	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0111		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45				
		NORMIERTE/SUI	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock		0.0000	undef undef
40	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419 4.1338
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
4.5	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0064	0.0412	0.1541 6.4872
		0.0061	0.0000	undef 0.0000
	_	0.0062	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0120	0.1428 7.0051
20		0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata		0.0021	4.4745 0.2235
25	Uterus	-	0.0142	0.2321 4.3088
23	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0197		
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0185		
		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0558		
	-			
45				
		NORMIERTE/SU	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0091		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0012		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel			
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0070		,
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0000		
60	_			

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
J	71		%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0102	0.0000 undef
		0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock		0.0052	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe		0.0082	0.4465 2.2395
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0307	0.0829 12.056
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
13		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0234	0.0000 undef
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0060	0.8565 1.1675
20		0.0000	0.0205	0.0000 undef
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0043	1.6779 0.5960
25	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haemaropoetisch	0.0197		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45	•			
45				
			STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	_ //	%Haeufigkeit		
		0.0204		
50	Eierstock-Uterus			
30	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
EE	Haut-Muskel			
55		0.0000		
	-	0.0164		
	Nerven	0.0030		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

5		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR	Verhaeltniss N/T T/N
•	Blase	0.0186	0.0153	1.2123 0.8249
		0.0133	0.0436	0.3058 3.2702
	Eierstock		0.0130	1.4023 0.7131
	Endokrines Gewebe		0.0191	0.3827 2.6128
10	Gastrointestinal		0.0095	2.0357 0.4912
		0.0237	0.0449	0.5287 1.8916
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.7651 1.3069
15		0.0254	0.0550	0.4624 2.1624
		0.0244	0.0000	undef 0.0000
		0.0224	0.0165	1.3544 0.7383
	Magen-Speiseroehre		0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0180	0.4758 2.1015
20		0.0208	0.0205	1.0130 0.9871
	Pankreas		0.0387	0.2939 3.4030
		0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata		0.0128	1.6779 0.5960
		0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie		0.0112	0.4042 2.1344
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0481		
	-	0.0247		
	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.1954		
4.5				
45				
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0544		
EO	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
EE	Haut-Muskel	0.1328		
55		0.0000		
		0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
20	Sinnesorgane	0.0000		
60				

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
3			%Haeufigkeit	
		0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
		0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
	Eierstock		0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349 2.9861
10	Gastrointestinal		0.0048	1.6285 0.6141
	Gehirn		0.0110	2.3997 0.4167
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
13		0.0064	0.0275	0.2312 4.3248
		0.0000	0.0117	0.0000 undef
		0.0112	0.0047	2.3702 0.4219
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0060	0.8565 1.1675
20		0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	_	0.0000	undef 0.0000
		0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0064	0.7458 1.3409
25	Uterus		0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
		FOETUS		
35	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			•
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
. •		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Dimesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	RLTOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
-	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch		•	
	Haut-Muskel			
55		0.0000		
		0.0246		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60		3.3000		
~				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.0107
	Eierstock		0.0078	0.7791	1.2836
40	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
4.5	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	unde f
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
20	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
25	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
~~	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
75		MODMICOTE / CIT	STRAHIERTE BIE	T TOTHEREN	
		%Haeufigkeit	SIMMITERIE BIE	DEIGINEREN	
	Bruer	0.0204			
	Eierstock-Uterus				
50	Endokrines Gewebe				
-	Foetal				
	Gastrointestinal				
	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel			•	
55					
J		0.0000			
	-	0.0164			
	Nerven				
	Prostata				
60	Sinnesorgane	0.0133			
UU					

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
3			%Haeufigkeit	
		0.0139	0.0000	undef 0.0000
		0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock		0.0078	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe		0.0082	1.5628 0.6399
10	Gastrointestinal		0.0095	1.0178 0.9825
		0.0068	0.0066	1.0321 0.9689
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000 0.0000	undef 0.0000
		0.0037	0.0095	undef undef 0.3950 2.5314
	Magen-Speiseroehre		0.0053	
	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000 undef 1.1420 0.8756
20		0.0149	0.0068	2.1708 0.4607
	Pankreas		0.0055	1.0285 0.9723
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0064	0.7458 1.3409
		0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie		0.0071	0.2321 4.3000
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
		FOETUS		
25		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	•	0.0074		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45		•		
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	NI.TOTHEKEN
	•	*Haeufigkeit		210111211
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0078		
		0.0000		
	Nerven			•
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
60	-			

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock		0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0027	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0011	4.6446 0.2153
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
05	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0000		
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
33	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
. •		NORMTEDTE / ens	STRAHIERTE BIE	SI TOTHEREN
		%Haeufigkeit	DIMANIENTE DIE	DETOTREMEN
	Beuce	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50				•
-	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	. Haut-Muskel			
33		0.0000		
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		&Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000 undef
	Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750 3.6368
	Endokrines Gewebe		0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal		0.0190	0.7125 1.4035
10		0.0008	0.0077	0.1106 9.0427
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0129	0.0000 undef
		0.0021	0.0000	undef 0.0000
15		0.0000	0.0234	0.0000 undef
		0.0535	0.0473	1.1324 0.8831
	Magen-Speiseroehre		0.0767	0.8819 1.1339
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas		0.0055	
		0.0030	0.0000	2.0570 0.4861
	Prostata			undef 0.0000
		0.0017	0.0128	0.5593 1.7879
	Brust-Hyperplasie		0.0000	undef 0.0000
25	Duenndarm			
20	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1140		
00				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
-	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0037		
40		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMTERTE / SIE	STRAHIERTE BIE	T.TOTHEREN
		%Haeufigkeit	DIMMIENTE DIE	PLICINEVEN
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000		
00		0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	•	0.0021	0.0000	undef 0.0000
-		0.0000	0.0000	undef undef
	· ·	0.0000	0.0000	under under under
	Magen-Speiseroehre		0.0000	
	Muskel-Skelett			undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
20			0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0043	0.5593 1.7879
25	Uterus		0.0000	undef 0.0000
23	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
		FOETUS		
35	Entreighlung	%Haeufigkeit		
00	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
70 .	_	0.0000		
		0.0124		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
75				
			STRAHIERTE BIE	SLIOTHEKEN
		*Haeufigkeit		
		0.0000		
50	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
EE	. Haut-Muskel			
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0131		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
•			%Haeufigkeit	
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
		0.0053	0.0283	0.1882 5.3141
	Eierstock		0.0130	0.9349 1.0696
10	Endokrines Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569 0.8644
	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612 0.8612
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
		0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0065	3.0606 0.3267
		0.0127	0.0137	0.9249 1.0812
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792 0.7818
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett		0.0180	0.6662 1.5011
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562 17.8081
	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101 0.3831
25	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0235		
	-			
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
-	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0111		
	3	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45	o mino o z game	0.0000		
	•	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
50	Eierstock-Uterus	0.0274		
	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel			
		0.0000		
	Lunge	0.0164		
	Nerven			
	Prostata	0.0256		
60	Sinnesorgane			
	•			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000 undef
10	Gehirn	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0087	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
30	- :			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000	•	
40	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	-			
45		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines Gewebe	0.0245		
50	Foetal	0.0117		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0082		
	Nerven			
	Prostata			•
	Sinnesorgane			
	•	*		

60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
		0.0040	0.0218	0.1835 5.4504
	Eierstock		0.0026	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal		0.0095	0.6107 1.6375
10	Gehirn		0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
4.5	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0055	0.0000 undef
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
•				
		FOETUS		
	Entwicklung	%Haeufigkeit		
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0000		
40		0.0185		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
	-			
45		NORMIERTE/SUE	STONUTEDTE BI	DI TOTUTUTU
		%Haeufigkeit	SINMILENIE DI	BLIGINEREN
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0000		
	Nerven			
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0109	0.4893 2.0439
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.58431.7114
	Endokrines Gewebe		0.0027	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
. •	Gehirn		0.0000	undef undef
			0.0000	
	Haematopoetisch			undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Uterus		0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS		
٥-		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.00 00		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	O.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
45				
		NORMTERTE/SU	STRAHIERTE BIE	RITOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0340		
	Eierstock-Uterus			
50				
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
ออ		0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0181		
	Prostata	0.000		
	Sinnesorgane	0.0077		
60	•			

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
J			%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock		0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		
	_			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	•			
45				
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		•
50	Endokrines Gewebe			
	Foetal	0.0029		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	. Haut-Muskel			
55		0.0000		
		0.0000		
	Nerven			•
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60	Jamic Jozgane			
UU				

E		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0013	0.0153	0.0874 11.4458
	Eierstock		0.0052	0.0000 undef
40	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
4.5	Hepatisch		0.000	undef undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
00	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
	-	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45				
		NORMIERTE/SUI	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	. Haut-Muskel	0.0000	•	
55		0.0000		
		0.0000		
		0.0010		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60	DICOOLY alle	000		
OU				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0139	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0093	0.0196	0.4757 2.1023
	Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582 0.6418
	Endokrines Gewebe		0.0054	0.66981.4930
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0131	0.8386 1.1924
	Haematopoetisch		0.0378	0.0739 13.527
		0.0348	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0106	0.0000	undef 0.0000
		0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
		0.0112	0.0095	1.1851 0.8438
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.8565 1.1675
20		0.0089	0.0068	
	Pankreas			1.3025 0.7678
		0.0090	0.0055	2.3999 0.4167
			0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0043	2.2373 0.4470
25	Uterus		0.0071	0.9283 1.0772
20	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078		
		FOETUS		
35	Entwicklung	%Haeufigkeit		
-	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	•			
40	Herz-Blutgefaesse			
-10	_	0.0296		•
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
. •		NORMIERTE/SUE	ידם אטונים אינ	DI TOTUEVEN
		%Haeufigkeit	NAMILENIE DI	PUTOIUEVEN
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50				
00	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch			
55	. Haut-Muskel			
JJ		0.0000		
		0.0164		
	Nerven			
	Prostata			
co	Sinnesorgane	0.0000		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	N/T T/N
		0.0232	0.0051	4.5462 0.2200
		0.0027	0.0153	0.1747 5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
40	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
4.5	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
15	Herz	0.0053	0.0550	0.0963 10.379
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7798 0.2646
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
		FOETUS		
٥E		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0074		
		0.0247		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
40				
			STRAHIERTE BII	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
50	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestina1			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
ออ		0.0000		
		0.0082		
	Nerven			•
	Prostata			
00	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			Haeufigkeit	
	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019 9.8107
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	•	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15	•	0.0032	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0085	0.0000 undef
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie		***************************************	4.0000
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
		POFTING		
		FOETUS		
35	English alalian	%Haeufigkeit		
55	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse			
40				
70		0.0000		
		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
10		NODMIEDTE / CIT	STRAHIERTE BIE	TOTUEVEN
			SIKWUIEKIE BIE	PLOTHEKEN
	B +	%Haeufigkeit 0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50				•
00	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
00		0.0000		
		0.0082		
	Nerven	-		
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
5			%Ha e ufigkeit	N/T T/N
		0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
		0.0053	0.0196	0.2718 3.679
	Eierstock		0.0052	1.1686 0.855
40	Endokrines_Gewebe		0.0109	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal		0.0143	0.6786 1.473
	Gehirn		0.0022	2.7094 0.369
	Haematopoetisch		0.0378	0.1109 9.0183
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
4 5	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15		0.0138	0.0000	undef 0.0000
		0.0122	0.0234	0.5224 1.914
		0.0012	0.0071	0.1756 5.695
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.000
20	Muskel-Skelett		0.0120	0.4283 2.335
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef 0.000
		0.0150	0.0000	undef 0.000
	Prostata		0.0085	0.5593 1.787
25	Oterus		0.0071	0.6963 1.436
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
33	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0063		
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
70	_	0.0148		
		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
. •		NORMIERTE / SITE	BTRAHIERTE BI	BI TOTHEREN
		%Haeufigkeit	DESCRIPTION DES	PETOTHEREN
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
		0.0187		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	. Haut-Muskel			
55		0.0156		
		0.0000		
		0.0131		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60				
00				

		NORMAL	TUMOR	Vorbanltnian
			%Haeufigkeit	Verhaeltniss
5	ase (B	0.0000	0.0077	0.0000 undef
•		0.0040	0.0153	0.2621 3.8153
	Eierstock		0.0286	0.3187 3.1376
	Endokrines_Gewebe		0.0327	0.5582 1.7916
10	Gastrointestinal		0.0095	1.6285 0.6141
10	Gehirn		0.0099	1.2902 0.7751
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0265	0.0275	0.9634 1.0380
10		0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
		0.0149	0.0260	0.5746 1.7403
	Magen-Speiseroehre		0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett		0.0060	1.7130 0.5838
20		0.0208	0.0342	0.6078 1.6452
20	Pankreas		0.0055	0.3428 2.9168
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
20	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
33	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40	•	0.0074		
40		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0279		
45		NORMTERTE / SIII	STRAHIERTE BIE	SLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	71.48.40K.40 D21	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55	•	0.0164		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0133		

60

5		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkei	Verhaeltniss
	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
		0.0013	0.0065	0.2039 4.9053
	Eierstock		0.0000	undef undef
	Sndokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
4.0	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
45				
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE B	ibliotheken
		%Haeufigkeit		
		0.00 0 0		
F0	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrcintestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			N/T T/N
			0.0000 undef
			0.3495 2.8614
			0.9089 1.1002
			0.3525 2.8368
			1.6285 0.6141
			1.1260 0.8881
•			undef 0.0000
		0.0000	undef undef
		0.0194	0.0000 undef
Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000
Hoden	0.0428	0.0117	3.65650.2735
Lunge	0.0137	0.0142	0.9656 1.0356
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286 35.025
Niere	0.0178	0.0479	0.3721 2.6872
Pankreas	0.0170	0.0000	undef 0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
Prostata	0.0071	0.0383	0.1864 5.3637
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0218		
Duenndarm	0.0000		
Prostata-Hyperplasie	0.0208		,
Samenblase	0.0089		
Sinnesorgane	0.0353		
Weisse Blutkoerperchen	0.0218		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
Gastrointenstinal	0.0123		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0039		
Herz-Blutgefaesse	0.0164		
Lunge	0.0037		
Niere	0.0185		
Prostata	0.0249		
Sinnesorgane	0.0140		
	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit		
Brust	0.0000		
Eierstock-Uterus	0.0434		
Endokrines Gewebe	0.0000	•	
Foetal	0.0210		
Gastrointestinal	0.0366		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0972		
Hoden	0.0468		
Lunge	0.0082		
Lunge Nerven			•
Nerven	0.0151		•
Nerven Prostata	0.0151 0.0321		
Nerven	0.0151 0.0321		
	Entwicklung Gastrointensinal Gehirn Haematopoetisch Hepatisch Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas Penis Prostata Uterus Brust-Hyperplasie Duenndarm Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse Lunge Niere Prostata Sinnesorgane Brust Eierstock-Uterus Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel Hoden	#Haeufigkeit Blase 0.0000 Brust 0.0053 Eierstock 0.0213 Endokrines Gewebe 0.0182 Gastrointestinal 0.0078 Gehirn 0.0136 Haematopoetisch 0.0098 Haut 0.0000 Hepatisch 0.0000 Hepatisch 0.0000 Herz 0.0095 Hoden 0.0428 Lunge 0.0137 Magen-Speiseroehre 0.0097 Muskel-Skelett 0.0017 Niere 0.0178 Pankreas 0.0170 Penis 0.0150 Prostata 0.0071 Uterus 0.0066 Brust-Hyperplasie 0.0218 Duenndarm 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.0218 Samenblase 0.0089 Sinnesorgane 0.0353 Weisse_Blutkoerperchen 0.0218 FOETUS #Haeufigkeit Entwicklung 0.0154 Gastrointenstinal 0.0123 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0164 Lunge 0.0037 Niere 0.0185 Prostata 0.0249 Sinnesorgane 0.0140 NORMIERTE/SUE #Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0434 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0210 Gastrointestinal 0.0366 Haematopoetisch 0.0000 Haut-Muskel 0.0972 Hoden 0.0468	#Haeufigkeit #Haeufigkeit Blase

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		*Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0232	0.0256	0.9092 1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077 2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791 1.2836
4.0	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093 0.4977
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225 3.1004
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre		0.0153	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett		0.0060	0.5710 1.7513
20		0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas		0.0110	0.3428 2.9168
		0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata		0.0170	0.6991 1.4303
	Uterus		0.0142	0.6963 1.4363
25	Brust-Hyperplasie		0.0112	0.0303 1.4303
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
		_		
30	Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
	•	PODRUG		
		FOETUS		
35	Professional and a second	%Haeufigkeit		
55	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	_	0.0037		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
40				
			STRAHIERTE BII	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
E0.	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0057		
r.e	Haut-Muskel	0.0130		
55	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane			
60	,			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	%Hae ufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843
10	Gehirn		0.0164	0.2064 4.8443
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903 5.2538
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342 2.3033
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		Ŧ	
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen			
30				
			•	
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
40	Niere	0.0062		
•	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
45			STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
50	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
<i></i>		0.0000		
55		0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000	•	

60

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
5			%Haeufigkeit	N/T T/N
		0.0139	0.0102	1.3639 0.7332
		0.0080	0.0218	0.3669 2.7252
	Eierstock		0.0182	0.6678 1.4975
40	Endokrines_Gewebe		0.0191	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal		0.0286	0.3393 2.9474
	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419 1.8454
	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
4.5	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
15		0.0127	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0149	0.0137	1.0854 0.9213
_	Pankreas		0.0442	0.3000 3.3335
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0128	
	Uterus		0.0000	0.7458 1.3409
25			0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40	_	0.0111		
		0.0309		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	brimesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUE	יים שמשדעמיים	DI TOTHEVEN
			SIRAGIERIE DI	PTIOIUEVEN
	Device	%Hacufigkeit		
		0.0136		
50	Eierstock-Uterus		•	
-	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
55		0.0000		
		0.0082		
	Nerven	0.0131		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0077		
60	·			

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5			%Haeufigkeit	N/T T/N
		0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
		0.0067	0.0153	0.4368 2.2892
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
40	Endokrines_Gewebe		0.0136	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal		0.0143	0.9500 1.0527
	Gehirn		0.0088	1.6450 0.6079
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.00 00	undef undef
4.5	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436
	Hoden	0.0000	0.0117	0. 00 00 undef
	Lunge	0.0062	0.0095	0.6584 1.5189
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0997	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5076
20	Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571 1.1667
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0218		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse Blutkoerperchen			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0157		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
50	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0366		
	Haematopoetisch			
	. Haut-Muskel			
55		0.0078		
		0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60				
-				

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
J	B1+00	0.0000	%Haeufigkeit	
		0.0000	0.0204	0.0000 undef
			0.0218	0.0000 undef
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0026	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0054	0.0000 undef
			0.0048	0.8143 1.2281
		0.0008	0.0011	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0012	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0047	0.2634 3.7971
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000		undef undef
	Pankreas		0.0000 0.0110	undef undef
		0.0000		0.0000 undef
	Prostata		0.0267	0.0000 undef
		0.0033	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie		0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
	wersac_brackocrperenen	0.0005		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0079		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
A E				
45				
		NORMIERTE/SU	STRAHIERTE BIE	Bliotheken
		%Haeufigkeit		
		0.0136		
50	Eierstock-Uterus			
JU	Endokrines_Gewebe			
		0.0367		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
55		0.0000		
		0.0164		
		0.0000		
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
ວ			%Haeufigkeit	
		0.0046	0.0051	0.90921.0998
		0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
	Eierstock		0.0026	3.5059 0.2852
40	Endokrines_Gewebe		0.0054	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0044	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch	0.0028	0. 00 00	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000 undef
4.5	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0021	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	-	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143 1.9446
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
0.5	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
••	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
3 5		0.0031 0.0000 0.0079 0.0000 0.0074		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
70		NODWIEDER (GUE	MD3///TERME 577	
			STRAHIERTE BIE	STIOTHEREN
	Donat	%Haeufigkeit		
		0.0000	•	
50	Eierstock-Uterus			
00	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal		•	
	Haematopoetisch			
55	. Haut-Muskel			
-		0.0000		
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0173	0.0523	0.3313 3.0187
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	-	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	
		0.0000	0.0000	undef undef
				undef undef
	•	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus		0.0285	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS		
35	/	%Haeufigkeit		
33	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	-	0.0000		
		0.0000		
	Prostata	0.00 0 0		
	Sinnesorgane	0.0000		
4.5				
45				
			STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
60	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0. 0000		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
EC	. Haut-Muskel	0.0000		
5 5	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
5		łHaeufigk eit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562
	Gehirn		0.0066	0.3871 2.5836
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	-	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15	_	0.0074	0.0000	undef 0.0000
		0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
		0.0025		
	Magen-Speiseroehre		0.0095	0.2634 3.7971
			0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
	Pankreas		0.0055	0.0000 undef
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25		0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0037		
. •	-	0.0185		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
		NODWINDS / CUI		
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	BLIOTREKEN
	P	%Haeufigkeit		
		0.0068		
50	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
EE	Haut-Muskel			
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0155		
60	•			

5	Blase	NORMAL *Haeufigkeit 0.0000	TUMOR %Haeufigkeit 0.0000	Verhaeltnisse N/T T/N undef undef
		0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721 2.6874
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
00	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0055	0.0000 undef
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0085	0.2797 3.5758
05	Uterus		0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
35	Entwicklung	FOETUS %Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40	Lunge	0.0000		
		0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
4.5				
45				
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
E0	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
JJ		0.0000		
		0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
00	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NODMAT	MITMOD.	Unahan) na ina
		NORMAL	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
•		0.0080	0.0153	0.5242 1.9076
	Eierstock		0.0078	1.1686 0.8557
	Endokrines Gewebe		0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal		0.0238	0.3257 3.0703
10	Gehirn		0.0077	0.6635 1.5071
. •	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
	-	0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0061	0.0000	undef 0.0000
-		0.0050	0.0047	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	2.2373 0.4470
		0.0033	0.0214	0.1547 6.4632
	Brust-Hyperplasie		0.0211	0.1347 0.4032
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30		0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
		0.0074		
40	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0140		
	-			
45		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0091		
	Endokrines Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0087		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel			
	Hoden	0.0156		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0697		
	•			
60				
00				

5	Place	NORMAL %Haeufigkeit 0.0046	TUMOR %Haeufigkeit	
		0.0000	0.0000 0.0109	undef 0.0000 0.0000 undef
	Eierstock		0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines Gewebe		0.0027	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0044	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0011	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
20	Niere	0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
0.5	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duennda rm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
35 40		0.0092 0.0125 0.0039 0.0082 0.0000 0.0062 0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUE	ידם שהמשוועקקה	BI TOTHEVEN
		%Hacufigkeit	JIIGHILDKID DI	DETOTALKEN
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			•
50	Endokrines Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit		
J		0.0046	0.0665	0.0699 14.297
		0.0080	0.0436	0.1835 5.4504
	Eierstock		0.0234	0.2597 3.8507
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0571	0.3732 2.6795
10		0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0194	0.0000 undef
45	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0087	0.0142	0.6145 1.6273
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
00	Niere	0.0119	0.0205	0.5789 1.7275
20	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800 2.0835
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0119	0.0106	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
25	Duenndarm	0.0343		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		
30	_			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
0.5	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0037		
40	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
45		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	_	%Haeufigkeit		
		0.0476		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe		•	
30	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000		
55		0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		

60

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
•	Place	0.0000	%Haeufigkeit 0.0051	
		0.0053	0.0031	0.0000 undef 0.3058 3.2702
	Eierstock		0.0026	2.3372 0.4279
	Endokrines Gewebe		0.0028	2.6791 0.3733
10	Gastrointestinal		0.0027	2.0357 0.4912
. •		0.0059	0.0055	1.0837 0.9227
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	under 0.0000 undef undef
15		0.0053	0.0000	under under
		0.0000	0.0000	under 0.0000 undef undef
		0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas		0.0055	0.6857 1.4584
		0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata		0.0021	0.0000 undef
		0.0099	0.0142	0.6963 1.4363
25	Brust-Hyperplasie		0.0112	0.0303 1.4303
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen			
	-			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
3 5	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0154		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0000		
		0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
45				
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0136		
EΩ	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel			
JO		0.0156		
	-	0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
60				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	n/t t/n
5	Blase	0.0093	0.1508	0.0616 16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340 29.4320
	Eierstock		0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
4.0	Gastrointestinal		0.0048	3.6642 0.2729
10	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289 1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508 1.1753
	Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197 0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517 1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
20	Pankreas	0.0114	0.0000	undef 0.0000
		0.1258	0.1600	0.7862 1.2720
	Prostata		0.0000	undef undef
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		•.•••	411401
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0037		
40		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000	•	
	Endokrines Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0052		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0410		
	Nerven			`
	Prostata			
	Sinnesorgane			

5 Blase 0.0093 0.0051 1.8185 0. Brust 0.0013 0.0044 0.3058 3. Eierstock 0.0000 0.0052 0.0000 undef undef under u					
Blase 0.0093				-	Verhaeltnisse
Brust 0.0013 0.0044 0.3058 3.	6	/			
Eierstock 0.0000 0.0052 0.0000 Un. Company of the c	o o				1.8185 0.5499
Endokrines_Gewebe 0.0073 0.0109 0.6698 1 Gastrointestinal 0.0000 0.0000 undef or Gehirn 0.0068 0.0055 1.2386 1.23					0.3058 3.2702
10					0.0000 undef
### Table				_	0.6698 1.4930
Haematopoetisch	10				undef undef
Haut 0.0000 0.0000 undef undef undef Nepatisch 0.0000 0.0123 0.0000 undef 0.0000 U	10				1.2386 0.8074
Hepatisch					undef 0.0000
Herz 0.0042 0.0000 undef 0.0000 Lunge 0.0000 0.0234 0.0000 undef 0.0000 Lunge 0.0025 0.0000 undef unde					undef undef
Hoden					0.0000 undef
Lunge	15				undef 0.0000
Magen-Speiseroehre	13				0.0000 undef
Muskel-Skelett					undef 0.0000
Niere 0.0000 0.0068 0.0000 undef 0.0000					undef undef
Pankreas 0.0057 0.0000 undef 0.0000 Penis 0.0030 0.0000 undef 0.0000 Prostata 0.0786 0.0554 1.4198 0.0000 Uterus 0.0003 0.0000 undef 0.0000 Brust-Hyperplasie 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.1011 Samenblase 0.0000 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Weisse Blutkoerperchen 0.0017 FOETUS **Haeufigkeit Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0062 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Foetal 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0006 Haematopoetisch 0.0078 Hut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128					undef undef
Penis 0.0030 0.0000 undef 0. Prostata 0.0786 0.0554 1.4198 0. Uterus 0.0033 0.0000 undef 0. Brust-Hyperplasie 0.0000 Duenndarm 0.0000 Prostata-Hyperplasie 0.1011 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Sinnesorgane 0.0017 FOETUS **Haeufigkeit* Entwicklung 0.0000 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 **Lunge 0.0037 Niere 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 **Sinnesorgane 0.0000 **Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Gastrointestinal 0.0002 Gastrointestinal 0.0002 Haematopoetisch 0.0005 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.00128	20				0.0000 undef
Prostata	20				undef 0.0000
Uterus					undef 0.0000
Duenndarm					1.4198 0.7043
Duenndarm				0.0000	undef 0.0000
Prostata-Hyperplasie 0.1011	25				
Samenblase 0.0000	25				
Sinnesorgane					
Solution					
### FOETUS ####################################		_			
### FOETUS ####################################	30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
#Haeufigkeit Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0062 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0037 Niere 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0057 Haut-Muskel 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128	30				
#Haeufigkeit Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0062 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0037 Niere 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0057 Haut-Muskel 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128			FOETUS		
### State					
Gastrointenstinal 0.0062		Entwicklung	-		
Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0037 Niere 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Elerstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0005 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128	35				
Haematopoetisch 0.0039 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0037 Niere 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128					
### Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0037 Niere 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 #### NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEING					
40					
Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEI **Haeufigkeit** Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128		-			
Sinnesorgane 0.0000	40	-			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		Prostata	0.0000		
#Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Lunge 0.0078 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128		Sinnesorgane	0.0000		
#Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Lunge 0.0078 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128		•			
#Haeufigkeit Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Lunge 0.0078 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128	15				•
Brust 0.0000 Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128	45			TRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
Eierstock-Uterus 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128			_		
50 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128					
Foetal 0.0082 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128					
Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128	EΩ	-			
Haematopoetisch 0.0057 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128	ວບ				
Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128					
Hoden 0.0078 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128					
55 Lunge 0.0082 Nerven 0.0030 Prostata 0.0128					
Nerven 0.0030 Prostata 0.0128	E E				
Prostata 0.0128	ວວ				
Sinnesorgane 0.0000					
		Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seg-ID: 149

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                      B Lymphom 0.0050
                                              0.0136
                                                           0.3679 2.7181
                          Blase 0.0078
                                              0.0258
                                                           0.3017 3.3143
                          Brust 0.0114
                                              0.0225
                                                           0.5088 1.9654
                       Dickdarm 0.0115
                                              0.0085
                                                           1.3456 0.7432
                      Duenndarm 0.0192
                                              0.0107
                                                           1.8036 0.5545
10
                      Eierstock 0.0089
                                              0.0095
                                                           0.9333 1.0715
              Endokrines_Gewebe 0.0209
                                              0.0337
                                                           0.6195 1.6143
                         Gehirn 0.0203
                                              0.0170
                                                           1.1947 0.8371
                           Haut 0.0367
                                                           undef 0.0000
                                              0.0000
                      Hepatisch 0.0186
                                              0.0254
                                                           0.7324 1.3653
15
                          Herz 0.0183
                                              0.0137
                                                           1.3291 0.7524
                          Hoden 0.0241
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                                                           0.8770 1.1402
                          Lunge 0.0146
                                              0.0166
             Magen-Speiseroehre 0.0290
                                              0.0128
                                                           2.2671 0.4411
                Muskel-Skelett 0.0069
                                              0.0074
                                                           0.9278 1.0778
20
                         Niere 0.0157
                                              0.0048
                                                           3.2497 0.3077
                       Pankreas 0.0050
                                              0.0221
                                                           0.2244 4.4570
                       Prostata 0.0217
                                              0.0169
                                                           1.2801 0.7812
                      T_Lymphom 0.0076
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Uterus 0.0163
                                              0.0230
                                                           0.7068 1.4148
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0267
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0080
                          Penis 0.0161
                     Samenblase 0.0281
                   Sinnesorgane 0.0118
30
                                FORTUS
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0111
35
                         Gehirn 0.0063
                Haematopoetisch 0.0000
                          Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0107
40
                         Lunge 0.0108
                     Nebenniere 0.0000
                         Niere 0.0124
                       Placenta 0.0303
                       Prostata 0.0499
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0000
50
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock t 0.0253
             Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                        Foetal 0.0070
               Gastrointestinal 0.0366
                Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0227
                        Hoden n 0.0042
60
                        Hoden_t 0.0000
                       Lunge_t 0.0000
Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0090
                        Niere_t 0.0000
65
                    Ovar Uterus 0.0203
                     Prostata_n 0.0121
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
E		%Haeufigkeit		N/T T/N
5	B_Lymphom		0.0000	undef 0.000
		0.0078	0.0117	0.6638 1.506
		0.0088	0.0155	0.5693 1.756
	Dickdarm		0.0028	7.4006 0.135
10	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock		0.0024	4.9773 0.200
	Endokrines_Gewebe		0.0142	0.2263 4.418
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
		0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0000	undef 0.000
15		0.0071	0.0137	0.5169 1.934
		0.0040	0.0000	undef 0.0000
		0.0292	0.0148	1.9733 0.5068
	Magen-Speiseroehre		0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132 0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
0.5	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0040		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0070		
20	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
25	Gastrointenstinal	0.0056		
35	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
40	-	0.0145		
	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
15	Prostata			
45	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
50		0.0000		
30	Brust_t			
	_Dickdarm_t			
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
5.E	Endokrines_Gewebe			
55	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60	Hoden_n			
60	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			
	Nerven			
CE.	Niere_t		•	
65	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                              %Haeufigkeit N/T T/N
0.0000 undef 0.0000
                                 %Haeufigkeit
 5
                      B Lymphom 0.0050
                          Blase 0.0000
                                              0.0070
                                                            0.0000 undef
                          Brust 0.0070
                                              0.0098
                                                           0.7157 1.3973
                       Dickdarm 0.0038
                                              0.0028
                                                           1.3456 0.7432
                      Duenndarm 0.0082
                                              0.0107
                                                           0.7730 1.2937
10
                      Eierstock 0.0030
                                              0.0119
                                                           0.2489 4.0182
             Endokrines_Gewebe 0.0048
                                              0.0071
                                                           0.6790 1.4727
                         Gehirn 0.0104
                                              0.0120
                                                           0.8704 1.1489
                          Haut 0.0037
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0046
                                                           0.7324 1.3653
                                              0.0063
15
                          Herz 0.0010
                                              0.0137
                                                           0.0738 13.5431
                          Hoden 0.0000
                                              0.0118
                                                           0.0000 undef
                          Lunge 0.0010
                                              0.0055
                                                           0.1754 5.7011
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                              0.0064
                                                           0.0000 undef
                Muskel-Skelett 0.0086
                                              0.0148
                                                           0.5799 1.7246
20
                         Niere 0.0112
                                              0.0193
                                                           0.5803 1.7232
                       Pankreas 0.0017
                                              0.0055
                                                           0.2992 3.3427
                       Prostata 0.0057
                                              0.0117
                                                           0.4823 2.0732
                      T_Lymphom 0.0000
                                                           0.0000 undef
                                              0.0149
                         Uterus 0.0015
                                              0.0092
                                                           0.1606 6.2251
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0027
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0080
                          Penis 0.0027
                     Samenblase 0.0070
                   Sinnesorgane 0.0235
30
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0028
35
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0039
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0145
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0061
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0101
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0006
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                        Hoden n 0.0125
                        Hoden t 0.0000
                        Lunge_n 0.0195
                        Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0100
65
                        Niere t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0068
                     Prostata_n 0.0121
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                             TUMOR
                                                          Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                     B Lymphom 0.0250
                                             0.0136
                                                      1.8395 0.5436
                          Blase 0.0078
                                             0.0070
                                                          1.1063 0.9039
                          Brust 0.0097
                                             0.0211
                                                          0.4592 2.1776
                      Dickdarm 0.0192
                                             0.0057
                                                          3.3639 0.2973
                     Duenndarm 0.0055
                                             0.0213
                                                          0.2577 3.8812
10
                     Eierstock 0.0178
                                                          1.2443 0.8036
                                             0.0143
             Endokrines_Gewebe 0.0048
                                             0.0177
                                                          0.2716 3.6818
                        Gehirn 0.0191
                                             0.0269
                                                          0.7092 1.4100
                          Haut 0.0073
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0046
                                             0.0063
                                                          0.7324 1.3653
15
                          Herz 0.0233
                                             0.0275
                                                          0.8491 1.1777
                          Hoden 0.0161
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                         Lunge 0.0156
                                             0.0129
                                                          1.2028 0.8314
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                             0.0192
                                                          0.0000 undef
                Muskel-Skelett 0.0086
                                             0.0074
                                                          1.1597 0.8623
20
                         Niere 0.0090
                                             0.0096
                                                          0.9285 1.0770
                      Pankreas 0.0083
                                             0.0387
                                                          0.2137 4.6798
                      Prostata 0.0057
                                             0.0091
                                                          0.6202 1.6125
                     T_Lymphom 0.0076
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                                                          undef 0.0000
undef 0.0000
                        Uterus 0.0044
                                             0.0000
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0246
                                             0.0000
               Haematopoetisch 0.0094
                         Penis 0.0107
                    Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0118
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.1253
             Gastrointenstinal 0.0305
35
                        Gehirn 0.0938
               Haematopoetisch 0.0275
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0142
40
                         Lunge 0.0325
                    Nebenniere 0.0254
                         Niere 0.0185
                      Placenta 0.0242
                      Prostata 0.0249
45
                  Sinnesorgane 0.1255
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                         Brust 0.0816
                       Brust_t 0.0000
                    Dickdarm_t 0.0000
                   Eierstock n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0354
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0741
              Gastrointestinal 0.0366
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.1458
60
                       Hoden_n 0.0000
                       Hoden_t 0.0000
                       Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0191
65
                       Niere_t 0.0000
                   Ovar Uterus 0.0248
                    Prostata_n 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0155
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                      B Lymphom 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                                              0.0000
                          Blase 0.0000
                                                            undef undef
                          Brust 0.0026
                                              0.0141
                                                            0.1879 5.3230
                       Dickdarm 0.0000
                                                            0.0000 undef
                                              0.0057
                      Duenndarm 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
10
                      Eierstock 0.0000
                                              0.0048
                                                            0.0000 undef
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                         Gehirn 0.0000
                                              0.0010
                                                            0.0000 undef
                          Haut 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                                              0.0063
                      Hepatisch 0.0000
                                                            0.0000 undef
15
                           Herz 0.0010
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                          Hoden 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                          Lunge 0.0039
                                              0.0018
                                                            2.1049 0.4751
             Magen-Speiseroehre 0.0145
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
undef 0.0000
20
                         Niere 0.0022
                                              0.0000
                       Pankreas 0.0000
                                                            undef undef
                                            0.0000
                       Prostata 0.0009
                                              0.0013
                                                            0.7235 1.3821
                      T_Lymphom 0.0025
                                                            undef 0.0000
undef 0.0000
                                              0.0000
                         Uterus 0.0015
                                              0.0000
25
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
               Haematopoetisch 0.0000
                          Penis 0.0054
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
35
                        Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0039
                          Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0071
40
                         Lunge 0.0036
                     Nebenniere 0.0000
Niere 0.0000
                       Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                     Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0051
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0000
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0257
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                        Hoden_n 0.0000
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge_n 0.0000
                        Lunge t 0.0000
                         Nerven 0.0010
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar_Uterus 0.0023
                     Prostata_n 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	D	•	%Haeufigkeit	
J	B_Lymphom		0.0000	undef undef
		0.0156	0.0000	undef 0.0000
		0.0079	0.0112	0.7045 1.4195
	Dickdarm		0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
•0	Eierstock		0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe Gehirn		0.0000	undef 0.0000
		0.0029	0.0060	0.4835 2.0680
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
15		0.0112	0.0000	undef 0.0000
. •		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0097	0.0074	1.3155 0.7601
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0037	1.3917 0.7186
20		0.0112	0.0037	2.3212 0.4308
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	T Lymphom		0.0075	0.3381 2.9576
	Uterus		0.0046	0.9638 1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0304	0.1578 6.3369
	Haematopoetisch			0.20.0 0.3303
	-	0.0080		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	•			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
05	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0083		
	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0000		
		0.0000		
40	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
	•	0.0217		
	Nebenniere			
		0.0000		
45	Placenta			
70	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE PIE	KI.TOTHEKEN
		%Hacufigkeit		BIGINEREN
50	Brust	0.0000		
	Brust t			
	Dickdarm t			
	Eierstock n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
60	Hoden_n	0.0042		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
er	Nerven	0.0050		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0000		
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
0.0075 0.0000 undef 0.0000
 5
                       B_Lymphom 0.0075
                           Blase 0.0156
                                               0.0047
                                                             3.3190 0.3013
                           Brust 0.0035
                                               0.0197
                                                             0.1789 5.5892
                       Dickdarm 0.0096
                                               0.0085
                                                             1.1213 0.8918
                      Duenndarm 0.0110
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
10
                      Eierstock 0.0059
                                               0.0048
                                                             1.2443 0.8036
              Endokrines Gewebe 0.0080
                                                             0.6467 1.5464
                                               0.0124
                          Gehirn 0.0058
                                               0.0010
                                                             5.8026 0.1723
                           Haut 0.0037
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                               0.0063
                                                             0.0000 undef
15
                           Herz 0.0122
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Hoden 0.0201
                                               0.0118
                                                             1.6964 0.5895
                           Lunge 0.0010
                                               0.0074
                                                             0.1316 7.6015
             Magen-Speiseroehre 0.0217
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0051
                                               0.0074
                                                             0.6958 1.4371
20
                                                            undef undef
undef 0.0000
                          Niere 0.0000
                                               0.0000
                        Pankreas 0.0116
                                               0.0000
                       Prostata 0.0047
                                               0.0065
                                                             0.7235 1.3821
                      T_Lymphom 0.0101
                                               0.0075
                                                            1.3525 0.7394
                          Uterus 0.0044
                                               0.0046
                                                             0.9638 1.0375
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0048
                                               0.0304
                                                            0.1578 6.3369
                Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0134
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0278
              Gastrointenstinal 0.0056
35
                         Gehirn 0.0063
                Haematopoetisch 0.0118
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0142
40
                          Lunge 0.0108
                     Nebenniere 0.0254
                          Niere 0.0124
                       Placenta 0.0061
                       Prostata 0.0499
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                     Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0101
55
              Endokrines Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0185
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0194
60
                        Hoden_n 0.0125
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge_n 0.0000
                        Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0141
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar_Uterus 0.0135
                     Prostata_n 0.0121
                   Sinnesorgane 0.0077
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		*Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0188	0.0000 undef
	Brust	0.0026	0.0056	0,4697 2.1292
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef 0.0000
40	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0030	0.5803 1.7234
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
4.5	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0051	0.0137	0.3692 2.7086
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0049	0.0129	0.3759 2.6605
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
00	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639 2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6855
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000 undef
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef 0.0000
05	Uterus	0.0148	0.0046	3.2128 0.3113
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0053		
	Penis	0.0027		
	Samenblase	0.0000		
20	Sinnesorgane	0.0353		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
25	Entwicklung			
35	Gastrointenstina1			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
		0.0000		
40	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0072		
	Nebenniere			
		0.0124		
45	Placenta			
40	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
		NADMIEDTE / COL	דם שתפשדעת הד	DI TOTUPPEN
		NORMIERTE/SUE	SIRARIERIE BI	BLIOIHEKEN
50	Brust	%Haeufigkeit 0.0000		
~-	Brust t			
	Dickdarm t			
	Eierstock n			
	Elerstock t			
55	Endokrines Gewebe			
-	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0259		
	Hoden_n			
	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			
65	Nerven			
55	Niere_t			
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL.
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                      B Lymphom 0.0100
                                                            0.7358 1.3590
                                              0.0136
                          Blase 0.0000
                                              0.0070
                                                            0.0000 undef
                          Brust 0.0106
                                              0.0141
                                                            0.7515 1.3308
                       Dickdarm 0.0057
                                              0.0114
                                                            0.5046 1.9818
                      Duenndarm 0.0027
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
10
                      Eierstock 0.0208
                                                            0.9678 1.0333
                                              0.0215
              Endokrines_Gewebe 0.0193
                                              0.0408
                                                            0.4724 2.1170
                         Gehirn 0.0087
                                              0.0110
                                                            0.7913 1.2638
                           Haut 0.0037
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0190
                                                            0,0000 undef
15
                          Herz 0.0101
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                          Hoden 0.0361
                                              0.0118
                                                            3.0535 0.3275
                          Lunge 0.0117
                                              0.0185
                                                            0.6315 1.5836
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0017
                                              0.0369
                                                            0.0464 21.5570
20
                         Niere 0.0201
                                              0.0337
                                                            0.5969 1.6754
                       Pankreas 0.0149
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                       Prostata 0.0132
                                              0.0247
                                                           0.5331 1.8758
                      T_Lymphom 0.0177
                                              0.0299
                                                           0.5917 1.6900
                         Uterus 0.0059
                                              0.0046
                                                            1.2851 0.7781
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0219
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0094
                          Penis 0.0161
                     Samenblase 0.0070
                   Sinnesorgane 0.0353
30
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0139
              Gastrointenstinal 0.0167
35
                        Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0039
                      Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0142
40
                         Lunge 0.0036
                     Nebenniere 0.0254
                          Niere 0.0185
                       Placenta 0.0061
                       Prostata 0.0249
45
                   Sinnesorgane 0.0126
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                     Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock t 0.0203
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0209
               Gastrointestinal 0.0366
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0972
60
                        Hoden_n 0.0251
                        Hoden t 0.0000
                        Lunge_n 0.0098
Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0151
                        Niere t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0450
                    Prostata_n 0.0303
                   Sinnesorgane 0.0310
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N 0.0075 0.0000 undef 0.0000
 5
                       B Lymphom 0.0075
                           Blase 0.0156
                                               0.0070
                                                             2.2127 0.4519
                           Brust 0.0088
                                               0.0155
                                                             0.5693 1.7566
                        Dickdarm 0.0077
                                               0.0057
                                                             1.3456 0.7432
                       Duenndarm 0.0082
                                                             undef 0.0000
                                               0.0000
10
                       Eierstock 0.0000
                                               0.0024
                                                             0.0000 undef
                                                             undef 0.0000
0.1934 5.1701
              Endokrines_Gewebe 0.0016
                                               0.0000
                          Gehirn 0.0041
                                               0.0209
                            Haut 0.0147
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                               0.0190
                                                             0.0000 undef
15
                            Herz 0.0041
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Hoden 0.0120
                                               0.0118
                                                             1.0178 0.9825
                           Lunge 0.0146
                                               0.0055
                                                             2.6311 0.3801
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                 Muskel-Skelett 0.0051
                                               0.0148
                                                             0.3479 2.8743
20
                          Niere 0.0045
                                               0.0096
                                                             0.4642 2.1540
                        Pankreas 0.0017
                                               0.0055
                                                             0.2992 3.3427
                       Prostata 0.0047
                                               0.0065
                                                             0.7235 1.3821
                       T_Lymphom 0.0051
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                          Uterus 0.0163
                                               0.0276
                                                             0.5890 1.6977
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                                                             undef undef
                                               0.0000
                Haematopoetisch 0.0053
                           Penis 0.0107
                      Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0118
30
                                 FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0028
35
                         Gehirn 0.0063
                Haematopoetisch 0.0118
                            Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                          Lunge 0.0000
                     Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0124
                        Placenta 0.0061
                        Prostata 0.0499
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                  %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                         Brust_t 0.0000
                    Oickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0000
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0041
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0257
                    Haut-Muskel 0.0194
60
                         Hoden_n 0.0000
                         Hoden t 0.0000
                         Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0060
65
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0068
                     Prostata_n 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
```

Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                      B Lymphom 0.0050
                                              0.0407
                                                            0.1226 8.1542
                          Blase 0.0000
                                              0.0047
                                                            0.0000 undef
                          Brust 0.0097
                                              0.0098
                                                            0.9840 1.0162
                       Dickdarm 0.0077
                                              0.0171
                                                            0.4485 2.2295
                      Duenndarm 0.0055
                                              0.0107
                                                            0.5153 1.9406
10
                      Eierstock 0.0089
                                              0.0072
                                                            1.2443 0.8036
              Endokrines_Gewebe 0.0064
                                              0.0106
                                                            0.60361.6568
                         Gehirn 0.0075
                                              0.0090
                                                            0.8382 1.1931
                                                            undef undef
                           Haut 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
undef undef
                      Hepatisch 0.0093
                                              0.0000
15
                           Herz 0.0000
                                              0.0000
                          Hoden 0.0080
                                              0.0059
                                                            1.3571 0.7369
                          Lunge 0.0068
                                              0.0055
                                                            1,2278 0.8144
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                              0.0064
                                                            0.0000 undef
                Muskel-Skelett 0.0034
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
20
                         Niere 0.0045
                                              0.0096
                                                            0.4642 2.1540
                       Pankreas 0.0017
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                       Prostata 0.0066
                                              0.0013
                                                            5.0646 0.1974
                      T_Lymphom 0.0101
                                              0.0075
                                                            1.3525 0.7394
                         Uterus 0.0044
                                              0.0230
                                                            0.1928 5.1876
25
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0041
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0147
                          Penis 0.0027
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0028
35
                         Gehirn 0.0063
                Haematopoetisch 0.0079
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                          Lunge 0.0072
                     Nebenniere 0.0254
                          Niere 0.0247
                       Placenta 0.0121
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0126
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm_t 0.0000
Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0203
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0087
               Gastrointestinal 0.0244
                Haematopoetisch 0.0257
                    Haut-Muskel 0.0097
60
                        Hoden n 0.0209
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge_n 0.0000
                        Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0030
65
                        Niere t 0.0000
                    Ovar_Uterus 0.0090
                     Prostata n 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0774
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
-			%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom		0.0000	undef undef
		0.0078	0.0023	3.3190 0.3013
		0.0009	0.0084	0.1044 9.5814
	Dickdarm		0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm		0.0107	0.2577 3.8812
10	Eierstock		0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe		0.0018	0.9054 1.1045
	Gehirn		0.0040	1.0155 0.9848
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
10		0.0010	0.0000	undef 0.0000
		0.0000 0.0019	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0037	undef undef 0.4639 2.1557
20		0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	T Lymphom		0.0075	1.0143 0.9859
	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch			
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0070		
00	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS		
		Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
33	Gehirn			
	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
. •	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta		•	
	Prostata			
45	Sinnesorgane			
		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
50		%Haeufigkeit		
50		0.0000		
	Brust_t			
	_Dickdarm_t			
	Eierstock_n			
55	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal Gastrointestinal			
	Haematopoetisch Haut-Muskel			
60	Hoden n			
-	Hoden t			
	Lunge n			
	Lunge t			
	Nerven			
65	Niere t			
	Ovar Uterus			
	Prostata n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                      B Lymphom 0.0050
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Blase 0.0078
                                              0.0047
                                                           1.6595 0.6026
                          Brust 0.0009
                                                           0.1044 9.5814
                                              0.0084
                      Dickdarm 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                      Duenndarm 0.0000
                                              0.0107
                                                           0.0000 undef
10
                      Eierstock 0.0000
                                              0.0048
                                                           0.0000 undef
              Endokrines_Gewebe 0.0064
                                              0.0106
                                                           0.60361.6568
                        Gehirn 0.0058
                                             0.0050
                                                           1.1605 0.8617
                           Haut 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0190
                                                           0.0000 undef
15
                          Herz 0.0041
                                                           undef 0.0000
                                              0.0000
                          Hoden 0.0040
                                             0.0118
                                                           0.3393 2.9475
                          Lunge 0.0039
                                             0.0018
                                                           2.1049 0.4751
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                                                           undef undef
0.4642 2.1540
                Muskel-Skelett 0.0000
                                              0.0000
20
                         Niere 0.0022
                                             0.0048
                       Pankreas 0.0050
                                              0.0055
                                                           0.8975 1.1142
                       Prostata 0.0848
                                              0.0651
                                                           1.3023 0.7679
                      T_Lymphom 0.0076
                                              0.0075
                                                           1.0143 0.9859
                        Uterus 0.0059
                                              0.0046
                                                           1.2851 0.7781
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0041
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0027
                          Penis 0.0027
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0056
35
                        Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0039
                           Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0036
                    Nebenniere 0.0507
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0121
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                         Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm t 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0000
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0104
               Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0097
60
                        Hoden n 0.0084
                        Hoden t 0.0000
                        Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0050
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0000
                     Prostata n 0.0546
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 201

_		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0027	0.0305	0.0874 11.4458
	Eierstock	0.0030	0.0833	0.0365 27.3828
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674 5.9721
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn	0.0576	0.0548	1.0528 0.9499
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0099	0.1693	0.0587 17.0262
	Hepatisch		0.1812	0.2459 4.0660
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0020 0.9980
	Hoden	0.0000	0.1052	0.0000 undef
	Lunge	0.0087	0.0851	0.1024 9.7640
	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.2820	0.0972 10.2887
20		0.3448	0.4245	0.8123 1.2311
	Pankreas		0.0387	3.2814 0.3047
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	0.0000 undef
	Uterus		0.0427	0.0774 12.9263
25	Brust-Hyperplasie			***************************************
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
	_==###################################			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		••
35	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal	0.0247		
	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse			
40	Lunge	0.0037		
		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.1815		
45				
		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines Gewebe	0.0000		•
	Foetal	0.0134		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel			
5 5	Hoden	0.0000		
		0.0164		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
60	- 7 - 3 - 2 - 2			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 202

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0000	0.0792	0.0000 undef
	Brust	0.0040	0.0261	0.1529 6.5404
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843 1.7114
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal		0.0143	1.2214 0.8187
10	Gehirn	0.0000	0.0044	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0647	0.3061 3.2673
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0224	0.0118	1.8962 0.5274
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
20	Pankreas	0.0019	0.0331	0.0571 17.5010
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749 13.3560
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915 0.6705
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
25	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0235		
20	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
55	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0000		
40	3 ·	0.0259		
-10	Prostata			
	Sinnesorgane			
	ormiesorgane	0.000		
45		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	RITOTHEKEN
		%Haeufigkeit		,210111211211
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
50	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0410		
	Nerven			
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0000		

WO 99/47669 84

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth). durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als 10 interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Seguenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

25

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Seguenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von 35 einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H₀ Exit; Abbruchkriterium I) 40 oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz 45 eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

WO 99/47669 85

Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid--Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 HybridPanels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama
vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von
Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die
Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit
Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen
Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer PolymeraseKettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren
Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_ form2.html). Dieses
Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die
entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" Programms der Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de)

bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch
verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei

eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Seguenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (http://www.genomesystems.com) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kím, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; http://www.tree.caltech.edu/;. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

Brust Tum	or				
Seq. IC)	ldentifizi	ierte BACs		
Nr	•				
3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5
7	241/D/11				
9	13/M/23	102/H/20	210/0/17	278/B/10	278/B/20
10	319/P/11	492/J/15			
23	565/E/8				
25	38/D/4	60/B/17	70/K/14		
39	425/C/18				
42	221/L/9	407/M/9			
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20	
45	557/D/15				
58	222/C/8	431/0/16			
23 25 39 42 43 45	565/E/8 38/D/4 425/C/18 221/L/9 233/F/11 557/D/15	60/B/17 407/M/9 411/C/6		461/C/20	

LABELLE I

Seq.	Seq. Expression	Funktion	Modul	Länge der	Chromosomale Marker	Marker
0 N	·			angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Lokalisation	
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDA Interferon-induziertes Gen 2x "UBIQUITIN 2" über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	670 1p36.31-p36.32 stSG29288 (D1S243-	stSG29288 (D1S243- D1S468)
က	im Brustumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5É5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.	E5-Antigens der inlich um einen	1845	1845 19q13.2	SHGC- 11892 (SHGC- 5919-
4	im Brusttumor Das hun überexprimiert protein" das Prot	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavanging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.	ceptor-associated cavanging-System",	1499	1499 4p16.3	D4S412-
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	688 1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305- D1S635)
9	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.	u.a. die nukleäre ellmembran des tolle bei der s Zellzyklus und	606	909 19p13.3	D19S886-

S C	S q. Expression ID Nr.	Funktion	Modul	Länge der Chromosom angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Chromosomale Marker Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA- bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.	eit eines RNA- ion noch nichts	086	930 1p36.23-p36.31 D1S253-	D1S253- D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin- Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	686	989 unbekannt	unbekannt
တ	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	2017 8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsalin"	1365	1365 2p11.2-2p12	D2S289- D2S388
12	1	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.	, dessen Funktion	1597	1597 18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase 3x "ank"; (ILK)" steuert den Zusammenabau der 2x"pkinase" Fibrinection-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x"pkinase"	1780	1780 11p15.3-15.5	D11S1318- D11S1338

S D N	S q. Expression ID Nr.	Funktion	Modul	Länge der Chromosom angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Chromosomale Marker Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone"; "Arch_histone"	892	892 6p21.2-p22.3	D6276- D6S439
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des "ER" Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	992	992 14q22.3-q24.1	D14S63- D14S251 (SHGC- 33845- SHGC- 36869)
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase inneren mitochondrialen Membran lokalisiert	okase-Komplex der lisiert.	1196	1196 10p15.1-q11.23 stSG1413 ;D10S604 D10S220	stSG1413 ;D10S604- D10S220
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca2+-bindendes "S_100" Protein.	"S_100"	1105	1105 unbekannt	unbekannt
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".	t zu Maus	2006	2006 7p12.1	D7S499- D7S2429
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	834	834 21 922.3	D21S1887 (D21S1259- D21S1260)
20	im Brusttumor überexprimiert	im Brusttumor Der humane RNA polymerase II überexprimiert Transkriptionsfaktor.	"UBIQUITIN_2"	765	765 unbekannt	unbekannt
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		179	779 unbekannt	unbekannt
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	2327	2327 1p31.1-p32.1	T29761 (D1S203- D1S2865)

Marker	SHGC4-959 (D4S774- SHGC4- 1002)	unbekannt	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)	A006Y36 (D21S260- D21S261)	D6S264- D6S1697	SHGC- 13147 (SHGC- 31123- AFM059xh8	SHGC- 32538; D1S2865- D1S418
Chromosomale Marker Lokalisation	9114p11	595 unbekannt	886 18q23	1684 21921.3-922.12	1249 6q26-q27		2751 1p21.1
Länge der Chromosom angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	911	262	886	1684	1249	3070 6q21	2751
Modul					"ribonuclease_T2"	CKS), ein Substrat Calmodulin, Actin	
Funktion	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt	Das humane Ribonuklease 6- Vorläufer-Molekül.	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS), ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.	Das humane BCL-X, ein Apoptosis- Regulator.
	im Brusttumor überexprimiert	im Brusttumor überexprimiert	im Brustlumor überexprimiert	im Brusttumor überexprimiert	1	im Brusttumor überexprimiert	im Brusttumor überexprimiert
Seq. ID Nr.	23	24		27		30	31

Sed.	Sea. Expression	Funktion	Modul	Länge der	Chromosomale Marker	Marker
D Nr.				angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Lokalisation	
33	im Brusttumor	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	890 22q13.33	PC106
	überexprimiert					(SHGC-
						7735-
						PH130)
35	im Brusttumor	Die humane Ubiquinon		693	693 5p13.1-q11.2	sts-H45672
	überexprimiert	Oxidoreduktase.				(D5S628-
						D5S474)
36	im Brusttumor	Eine neue ATPase, welche zur Familie		1054	1054 unbekannt	unbekannt
	اب					
37	im Brusttumor	Der Monocyte/Macrophagen "Ig-		541	541 12q14.2-q14.3	SHGC-
	überexprimiert					33073
						(SHGC-
						35867-
						D12S1722)
38	im Brustturnor	unbekannt		1187	1187 unbekannt	unbekannt
	überexprimiert					
39	im Brusttumor	Eine neue putative Serin-	"pkinase";	2281	2281 6q22.33	WI-13202
	überexprimiert	/Threoninkinase.	"pkinase_C"			
40	im Brusttumor	Das putatives Kupfer-Aufnahme		1759	1759 9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brustturnor	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	1447 Xq22.2-q23	DXS1231-
	überexprimiert					DXS1059
42	im Brusttumor	unbekannt		831	831 1432.1-1432.2	AFMa082wf
	überexprimiert					9 (SHGC-
						12033-
						AFM224xc1
						_

Seq. ID Nr.	Seq. Expression ID Nr.	Funktion	Modul	Länge der Chromosom angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Chromosomale Marker Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.	-lomologie zur	528	528 17 q2 1.33	SHGC- 31935 (NIB1385- SHGC- 30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7 TM-Protein		1027	1027 22q13.33	AFMb040xd 1 (SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die hu (PP2A		2160	2160 1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7)
46	1		co-Chaperonin; tein mRNA	642	642 unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1415 1q32.1	sts-F17262 (D1S2622- D1S306)
48		Vermutlich das humane Ortholog einer ATP-abhängigen RNA-Helicase.	"HELICASE"	2949	2949 10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
49	im Brustlumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851	e der für die Interaktion enden Segments	9651	665 unbekannt	unbekannt

Seq.	Seq. Expression	Funktion	Modul	Länge der	Chromosomale Marker	Marker
Ö Ř				angemeldeten Sequenz (bp)	Lokalisation	
90	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	904 5p15.31-15.33	D5S426-
51	im Brusttumor	neue humane ATPase		1239	1239 9q32	ATC7
	überexprimiert					(SHGC-
						8827-
						SHGC-
						14379)
7.ç —	im Brusttumor	unbekannt; Hs.10927		996	966 19p13.3-p13.2	stSG8216
	uberexprimient					(pTEL-
						D19S413)
23	im Brusttumor	Homologes zum NAG-2 Gen;	"transmembrane4"	556	556 11p15.3-p15.5	sts-W47645
	uperexprimier	Hs.26518				(D11S1318-
						D11S909)
24	im Brusttumor	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM BIND"	1349	1349 19q13.13-	D66904
	überexprimiert					(D19S425-
					_	D19S418)
22	im Brusttumor	unbekannt; Hs.5241		2021	2021 17q11.2-17q12	sts-F18808
	überexprimiert		-			(D17S933-
i.	- 1					D17S800)
Š.		Stromelysin	"hemopexin"	900	900 22q11.23-q12.1	D22S446-
	nperexprimien					D22S419
						(SHGC-
						2886-
				-		SHGC-
					<u> </u>	33862)

		19				8					17			T	_	~					Т			
Marker		SHGC-5419	alias	(DYS290-	DXYS136)	GATA8A08-	SHGC-	-	D12S335		SHGC-11217	(SHGC-	AFM084ya1	SHGC-	34581	(D16S3363	щ	D16S3334	SHGC-	32788	unbakannt	all Dorday	SHGC-	3/222
Chromosomale Marker	Lonalisation	1212 Yp11.3 bzw.	Xp22.33-	xp.z.3z		494 11p11.2-q13.1			729 12q14.1		1315 14q11.1-q11.2			2011 16q12.1					2009 1p21.1		2269 1432 2	7:30		
Länge der Chromosom	Sequenz (bp)	1212				494			729		1315			2011					2009		2269		1874 Xq23	
Modul						"Uteroglobin"			"Ribosomal_L21p"		2x "IMPDH"	•		"NLS_BP"							"Fts"			
Funktion		humanes GTP bindendes Protein				Homologes zu Prostata bindendem	Protein, Untereinheit C-1		unbekannt		Glucose-6-phosphate dehydrogenase	Нотого		unbekannt					unbekannt		Ets Transkriptionsfaktor		IL13 Rezeptor alpha-1 Kette	
S q. Expression		im Brusttumor	nperexpiriner			im Brusttumor	uberexprimier			nperexprimer	im Brusttumor	überexprimiert		im Brusttumor	überexprimiert						im Brusttumor			חתפובאלוווווווווווו
S C		25				28			29		61			62			_		63		99		65	

Seq.	Seq. Expression ID Nr.	Funktion	InpoM	Länge der Chromosom angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Chromosomale Marker Lokalisation	Marker
99	im Brusttumor überexprimiert	im Brusttumor Inhibition der Zellteilung und der überexprimiert Makrophagen Aktivität. Protein- Kinasen Inhibitor		289	687 1q21.2-q21.3	D1S305- D1S2635
	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	1528 unbekannt	unbekannt
	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	1624 4p16.3	D4S412- D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	17568p12-p11.23	AFM023xc1 alias
						D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
151	151 im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	1638 18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		25893	2589 21q21.3-q22.12 A006Y36 (D21S260 D21S261	A006Y36 (D21S260- D21S261)

Seq.	Expression	Funktion	Modul	Länge der Chromosom angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Chromosomale Marker Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	2963 22q13.33	AFMb040xd 1(SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	3234 1q32.2-q32.3	Wi-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7)
155	im Brustlumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	3080 10926.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	2407 5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625 9932		ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)

Seq. ID Nr.	Seq. Expression ID Nr.	Funktion	Modul	Länge der Chromosom angemeldeten Lokalisation Sequenz (bp)	Chromosomale Marker Lokalisation	Marker
158	158 im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	1402 11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	2159 16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	2795 1p21.1	SHGC- 32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	1711 unbekannt	unbekannt
201	im Brustturnor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	1712 4q21.23-q22.1	D4S1542
202	202 im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	1610 2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171- D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Pepti ID. N		uenz (ORF's) Seq.
3	71	_			
9	72	73	74	75	76
14	77				
16	78				
17	79				
18	81				
19	82				
20	83				
21	84	85	86	87	
23	88	89			
24	90				
25	91				
27	92	93			
29	94				
31	95	96	97	98	
33	99	100			
35	101				
36	102				
38	103				
39 40	104				
_	105				
41 42	106				
43	107	100	110		
44	108 111	109 112	110 113		
46	114	112	113		
47	115	116			
48	117	110			
49	118	119			
50	120	110			
51	121				
52	123				
53	126				
54	128				
55	129	130	131	132	133
- 56	134	135			
57	136				
58	137				
59	138	139			
61	140				
62	141				
63	142	143	144		
64	145				
66	146				
67	147				
149	162	163	164		

DNA-Sequenz	Peptid-Sequenz (O	RF's) Sea.
Seq. ID. No.	ID. No	,
150	165 166 167	
151	168	
152	172	
153	174	
154	177 178 179	
155	180	
156	183 184 185	
157	187	
158	190	
159	192 193 194	
160	195 196 197	
161	198	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

- (1) ALLGEMEINE INFORMATION:
 - (i) ANMELDER:
 - (A) NAME: metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH
 - (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
 - (C) STADT: Berlin
 - (E) LAND: Deutschland
 - (F) POST CODE (ZIP): D-14195 (G) TELEFON: (030)-8413 1672 (H) TELEFAX: (030)-8413 1671
 - (ii) TITEL DER ERFINDUNG:

Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

Brusttumorgewebe

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 143
- (iv) COMPUTER READABLE FORM:
 - (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
 - (B) COMPUTER: IBM PC compatible
 - (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 - (D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2:

```
atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atcttgcca 60 gtacaggagc tcgtgccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120 cggtgaagat gctggcggc aacgaattc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt 180 cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg 240 ctgtccaccc gagcggtgtg gcgctgcagg acaagtgcc ccttgccagc cagggcctgg 300 gccccggcag cacggtcct ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctct aggcatcctg 360 tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgag accgtggcc 420 acctgaagca gccactggag ggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480 tcgaggggaa gcccctggag gaccagctc cgctgggga gtacggcctc aagcccctga 540 gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcgg gaggcggac agagcctgg agaggcctcc accagaggcct accagggcctc accagaggcctc accagaggcctc accagaggcctc accagaggcctc accagggccc accagggcctc accagggcctc aaggccctcagaggcccc accagggcctc accagggccc accagggcctc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accaggggcaccagggcccc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accagggcccc accaggggccc accaggggcccc accaggggcccc accaggggcccc accaggggcccc accaggggccc accaggggcccc accaggggcccc accagggggagccc accaggggcccc accagggggagccc accaggggcccc accaggggcccc accaggggcccc accagggggagccc accaggggcccc accagggggagccc accaggggcccc accagggggagccc accaggggccc accagggggagccc accaggggcccc accagggggagccc accagggggagccc accagggggagccc accaggggagccc accaggggagccc accaggggagcccc accaggggagccc accaggggagccc accaggggagccc accaggggagccc accaggggagccc accagggagccc accagggagcccc accagggagccc accagggagcccc accagggagcccc accagggagccc accagggagccc accagggagccc accagggagccc accagggagccc accagggagccc accagggagccc accaggagccc acc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

WO 99/47669 102

```
ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
gacgcccaag tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
gageeteeca gegegtttet teteetgtat geagteagae tteetgaagg tggaeeteet 840
cctggtcatg ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
cottctccacc cottcgcottgc toatcaacaa qqaqaaaqct qqccaqtcqq accotttcct 960
ggggatgatt atgggcctcq gaggaggcat ggactttgac tccaagaagg cctacaggga1020
cgtqqcctqq ctqqqtqaat gcqaccaqqq ctqcctqqcc cttqctqaqc tccttqqatq1080
gaaqaaqqaq ctqqaqqacc ttqtccggaq gqaqcacqcc aqcataqatg cccaqtcqqq1140
ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgccaal200
gqacgaggcc aggacaacag agaggqagaa accccagtga cagctgcatc tcccaggcgg1260
gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct cttaaccagc1320
agttettgte tggggagete agaacateee ceaatetett acageteeet ceecaaaact1380
ggggtcccag caaccctggc ccccaaccc agcaaatctc taacacctcc tagaggccaal440
ggcttaaaca ggcatctcta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
acetecetea tetetaaetg ecceeaeggg geeagggeta ecceagaaet tttaaetett1560
ccaggacagg gagcttcggg ccccactct gtctcctgcc cccgggggcc tgtggctaag1620
taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacacccag1680
cgtaggggga gtctgagccg ggagggctcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg1740
tggtgggccc ccttcacgtg ggacccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaa aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```
eggetegagg gegeegegga gggteaggte gtttetgege gggeteeegg egetgetaet 60
getgetgete tteeteggge eetggeeege tgegageeae ggeggeaagt actegeggga 120
gaagaaccag cccaagccgt ccccgaaacg cgagtccgga gaggagttcc gcatggagaa 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggcccagcg actgcatctt cctcccgtga ggctggccga 240
gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
cttggccaag tatggtctgg acggaaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420
```

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga ccccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480 gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540 tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600 aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgac atcaagggca gcgtcctgca 660 cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccaggqcc tggaccqcct 720 gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccaqggtgat 780 tgacctgtgg gacctggcgc agtccgccaa cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840 qqaqqaqctc aaqcacttcq aaqccaaaat cqaqaaqcac aaccactacc aqaaqcaqct 900 qgagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960 ccgcagccgc gagaagcacg ccctgctgga ggggcggacc aaggagctgg gctacacggt1020 gaagaagcat Ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctq1080 aaggcattgg ggagcccagc ccggcaggga agaggccagc gtgaaggacc tgggctcttg1140 qccqtqqcat ttccqtqqac agcccqccqt caggqtqqct qgqgctqqca cgqqtqtcqa1200 qqcaqqaaqq attqtttctq qtqactqcaq ccqctqccqt cqcqacacaq qqcttqqtqq1260 tggtagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggcttgg cttccactca1320 gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcaggtct1380 gatagteete tgetaaaaca acacgattta cataaaaaat ettacacate tgecaccgga1440 aataccatgc acagagtcct taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaa 1499

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```
gggccaagtg ccccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60 cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120 gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180 gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240 tttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300 cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360 ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420 aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480 cggccacagt catggtggc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
```

tctacccaac cagggcccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600 gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgctc tgtgtgcttc ttccagctcc 660 tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 909 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6:

```
tegageegea ttegaceaga agteggegea egeggeeteg gteeggttga etttgeggae 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcatcg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtetegegee tacaactege ggetgeageg ggaacgagee aacatgtgae eggegagege 360
gggccacccc accetgttca tttccataaa cgtgctttga gaggcggggt ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccggggctt aggagggtgg caccggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
geoetgtgee tteetgaagt getggeagee eagtggeace teetteagge etttggggta 600
ttcccctagt gtgcccaagt cagcctcata ttctgggcgg acagcttgtc tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc totttattto cotootgagg ggtotototo tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggtctcagc ctcccctggg ttgggagaag 840
tccatctttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
                                                                   909
acccctgcc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 930 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```
tgaggccaag gcqqcqtgag tctgcgcagt qtqqggctga gggaggccgg acggcgcgc 60
tgcgtgctgg cgtqcqttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataacataaa 120
aatggcttcc aaaagagctc tggtcatcct ggctaaagga gcagaggaaa tggagacggt 180
catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggtc accgttgcag gcctggctgg 240
aaaagaccca gtacagtgta geegtgatgt ggteatttgt eetgatgeea geettgaaga 300
tgcaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
cctgatagcc gccatctgtg caggtcctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg ggcctgggac 600
cagcttcgag tttqcqcttq caattqttqa agccctgaat gqcaaggagg tggcggctca 660
agrgaaggct ccacttqttc ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttgttt gcagaataaa 900
cagggcattt agcaaactaa aaaaaaaaaa
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```
cgcgcgggcg tcgtgcacqc ggttgtagct gcccggcggc ggcagaagcg gcgctcqcgc 60
caagggacgt gtttctgcgc tcgcgtggtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
actocqqacc acqqccqcca ccqaaqqctq cttctqctqc cqctactqct qttcctqctq 180
ccqqctqqaq ctqtqcaqqq ctgqqaqaca qaqqaqaqqc cccqqactcq cqaaqaqqaq 240
tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccgggt atcgctc 300
gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggcctggatt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttcct gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat cccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattaccaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60 aaggcccagg tctgtattat cctactgcca cataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120 tgcgcctaat cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180 acteaactgt taagcettte tgtgattatt etteettgag ateactetga tgteaceagt 240 gtaatttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300 acagactete tggaaageet gggagetgaa tteeggaaga teeccacate gatgaaagea 360 aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgtcgctacg agtcagccca tccatccatg 420 gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaqa aagccgtqqq caacatcttt qaaaacacaq 480 accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaaqca gaggagagag 540 ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600 tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660 aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720 caagtgagtt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780 ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840 agactggtta caaagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900 atgCtttcag caaggatttg aaaactcttc cqtccctqca qqaaaqqatt qatqctqata 960 gaagaqcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta1020 tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt ttttttttt1080 aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gagggggac agggagagaa aataccatgc1140 ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200 gtctattggt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260 gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320 gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggttttta tacatttcaal380 acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440 attttacata ttttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatctaat taaatttcat1500 acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560 ctatagtttc tataatttat tttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta1620 aactttgtgg cttttggtct gtgatgcttg gtctcaaagg aaaaaataag atggtaaatg1680 ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaacaa taaaagttaa ttttagagta1740 gttttatatt aattaccaaa ctttttcaaa acaaattctt acqtcaaata tctgggaagt1800 ttctctgtcc caatcttaaa atataaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860 ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaaa aggctttctc ttcatacttt1920 tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980 caatatgttt tgggtttaga gtctgagtga tgaccaa 2017

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```
ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccggtgcct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tetgcacetg tggataggee ageagteate eegggatgag eagggggeet gtgeegtget 300
ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
aatgagtetg acctetteat gagetaette ceaeggggee teaagtacea ggaaggtggt 420
gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
aagtccaaca teetggaacg caacaaggeg agggaeetgg eeetggeeat eegggaeagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tqctgagatg 720
atccapgtcc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
gctgacaagg caaatgccca ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatatctgat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctcgcgcatg1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctccctgc1140
ccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgcagagg tgcccctgc1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgctttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg1260
gctgattctc actgtcaccc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```
accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attggtgctg cttttactga 120
aggettatea agtggtttaa gtaettetgt tgetgtgtte tgteatgagt tgeeteatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tggaatggca acaggaattt tcattggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctggtt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttcttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt gggttttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtacgt tttaatattt aagttattct atcttggaga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt totgtatgtt toagggaaaa atgtotttaa tgotttttca aqaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaatctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaat cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcacttt11140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attqccaagt1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctggtta cctggtttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc tatcattgtg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

WO 99/47669 PCT

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG; SEQ ID NO: 13:

```
cgggcgcggc Cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccqaggata 60
aagettgggg tteatectee tteeetggag eeegagteee gteeteagge tteeeeaate 120
caggggactc ggcgccggga cgctgctatg gacgacattt tcactcagtg ccgggagggc 180
aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
gatcatggct tetececett geaetgggce tgeegagagg geegetetge tgtggttgag 300
atgttgatca tgcgggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga caccccctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcccctgc actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
accaccegca eteggeeceg aaatggaace etgaacaaac actetggeat tgaetteaaa 720
cagettaact teetgacgaa geteaacgag aateactetg gagagetatg gaagggeege 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaaggtg ctgaaggttc gagactggag tacaaggaag 840
agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggattt tctcgcatcc aaatgtgctc 900
ccagtgctag gtgcctgcca gtctccacct gctcctcatc ctactctcat cacacactgg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttcct acacacacta1080
gagcccctca tcccacgaca tgcactcaat agccgtaqtg taatgattga tgaggacatg1140
actgcccgaa ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat1200
gcacctgcct gggtagcccc cqaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc1260
tcagcagaca tgtqqaqttt tgcagtqctt ctqtqqqaac tgqtqacacq gqaqqtaccc1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaaggtgg cattggaagg ccttgggctal380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaaqctcat gaagatctgc atgaatgaag1440
accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg1560
cacctcccca aagcagcagg cctctggttg cctcccccgc ctccagtcat ggtactaccc1620
cagccatggg gtccatcccc ttcccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc1680
tragagettt greactiger acatggtgte teccaacatg ggagggatea geceegeetg1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg
                                                                 1780
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```
aacgacteet ggtacettge teccattact tecegtttte tegatetget getegtetea 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg 240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca 300
tegegggtga ggetteeege etggegeatt acaacaageg etegaceate aceteeagqg 360
agatocagae ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccqtqtccq 420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tetetggaat treetgatat gaccaagaaa gettettate aaaagaagea caartgeert 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac 600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcattcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaacccact ggggggttgg ggtaatattc tgtggtcctc agccctgtac cttaataaat 840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaag gagggaagaa ggaagaggat gc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 992 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```
ctctcgcgag gartggctgt tagcggcgtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
eggeagetge tgtagegaag agagtttgge gegatgtete acaccatttt getggtacag 120
```

```
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg 180
gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct 240
atcacatatg acateagtea gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagetgc 300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag 420
cactgggggg gttggggtgg gcttggaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt 480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta 540
gatgaaatgt gaggatettg tteaategga aacceeegtt accteetett tttettete 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
taaccettet teaagatggg gtgggggtg gaaatgeagt ttagceatgt eeteaagata 780
qactqqaacc aacattaaqt qacqaaqaac aactgtqqtq tqtqqqaaaq qctttqqacc 900
tagaccaacc tqqattqaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
ttcccacatc tatcagtggg gataatgcct ag
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```
gggcgcccgg aaggtcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcggggtta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcggga accactcggt 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggctttttc ggagccggcg gagcaggtta ctcgcacgcg gatttggctg gcgtcccgct 240
aactggtatg aaccetctgt etecttattt aaatgtggat ceacgatace tegtgeagga 300.
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttctttacg attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtct 420
toggotagga ttgaaggaaa cocagaacat ggootggtoo aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaat actctaggtt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcaqaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacaggtg gtcttcgagg 660
```

```
gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720 ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaactcat 780 gaatggagga cacttcagta gtcatctaga tcctttata agacagtttg gagttattct 840 ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900 cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960 ctttggtgac tcactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg1020 ttttcctcc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggtcg tgcttgttag1080 tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140 aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```
ggcttaggcc cagcccctg cctcccctcc cttcccccag gtataaqagc tgagctcagg 60
tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
totggggcca getataggae aacagaacte teaceaaagg accagaeaca gtgageacea 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
ccattgagac ceteateaag aacttteace agtacteegt ggagggtggg aaggagaege 300
tgacccette tgagetaegg gacetggtea eccageaget geceeatete atgeegagea 360
actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
teegggggea etgagaacte eetetggaat tettgggggg tgttggggag agaetgtggg 540
cotggagata aaacttgtot cototaccac caccotqtac cotagootgc acctgtootc 600
atctctgcaa agttcagctt ccttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
gggagctcat gggtggagga gtctccacca qaqqqaqqct caggggactg gttgggccaq 720
ggatgaatat tigagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag taggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840
tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttcct aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttcct gcctccagct ctgccccagg ctcctcctag 960
actictyticc tyggictaggy caggygagga gggagagiag ggttggggga gaggitgagg1020
```

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct gggtgcttgg gcattgacag aatgatggtt1080 gttttgtatc atttgattaa taaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2006 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgct gcgcgcccgc ggaggcgctg 60 ggccggcggc ctcctgcagc gggcggccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120 gacatettee ageaacagat etegagaaga eagetggeta aaateettat tigteeggaa 180 agttgatcca agaaaagatg Cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240 atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300 tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tggtqgggac 360 ttggaacacg tggtatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420 ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480 tegtaaggea agaagtgaca tgettetete caggaagaat cageteetgt tggagtteag 540 tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600 actocgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660 acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780 gcacaaacat ggctqgqaqg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840 atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900 gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960 gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc1020 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtg1080 ccttgtcgtc ctctttgaaa caccccgtgt tgtccagtat accttataac acttagccac1140 ttctccccac cctccagaag gggtccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt1200 ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt1260 ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320 gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa1380 taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440

```
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
qctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaatatttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaal860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggagggagag ccttccccaa gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaacaa cggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
cocqqagccc acqqtqqtca tqqctqccaq aqcqctctqc atqctqqqqc tqqtcctqgc 300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta cccccatgtc accccaagg agtgcaacaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tggtgtttca agcccctgca 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
eggageacce ttgccegget gtgattgctg ceaggeactg tteateteag ettttetgte 600
cetttgetce eggcaagege ttetgetgaa agtteatate tggageetga tgtettaaeg 660
aataaaggtc ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg 720
tgctttattt ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgca tgcaaggata tttt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

WO 99/47669

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20:

```
cgggaacggggcggacgcggctgcgccggcgcgtcgaggggagaggcagcagccgcgatg60gacgtgttcctcatgatccggcgccacaagaccaccatcttcacggacgccaaggagtcc120agcacggtgttcgaactgaagcgcatcgtcgagggcatcctcaaggggcctcctgacgag180cagcggctgtacaaggatgaccaactcttggatgatggcaagacactgggcgagtgtggc240ttcaccagtcaaacagcacggccacaggccccagccacagtggggctggccttccgggca300gtgatgaagccccaggactcgggaagcagtgccaatgaacaagccgtgcagtgagaccc420caagaggcccatttccccaaataaaagagatttgggagtctccttttggggcttgtctt540ggcagttccttcaaggcaccatgggacccatgggtcccaacctggctgaaacttggccca600gcctgctgcttaaaggcaccatgggacccgggatggaaagggaaggaatgggaaggaatgggaaggaacc720aaagaccagagccaacctcagggacaagagattccagtgtggaaggaatgggaaggaacc720
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctct ggtcggcgc tgcagcggg 60 tgagcggcgg cagcggcgg cagcggcgg cgcatcctg 120 gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180 gtgccgctgc gcgagggcta cgggggcgcatc ccggggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240 ttggacctca ccgacaagct gggcctgcag gagatggccg cgcagctgca ggcggccacc 300 gctaacgtgc tgcggacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacc 360 caccagggct ctggagccg gccagctggg atccagggcc ctcctcagtc ggcagccaag 420 ccaggcctgc actttataga ccagcacgg gctgcgctta tcgcgaggt cacaaacgtt 480 gagtggctgc tggatgctct ggaagctca acttataga ccagcacgg gtcctgacg atgagcagta ccagcacgg 540 cgggccgagc caccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagttcac accagcctgg 600 aactggacct gcaaggactt gctcctccag gccctaaagg agtcccagc ctcctggcaat 720 cccaccaact catcctgaat ctcgatctt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2327 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```
cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcaqaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaagggac 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatc tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggaatttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480
cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttgttgag agtgaacacc aagtgaaaat 540
tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaaqga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttcct gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgcctgccgt gcccacctaa 840
ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt ttaaaaataag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaaqtcc ttctcctqca acaaatqccc aaqtcatttt1020
ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcatactt1080
cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttcctctt1140
taaatttggt accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt1200
aagcactcct ccttgtggaa agaatatacc accatttcat ctggctagtt caccatcacal260
actgcattac caaaagggga tttttgaaaa cgaggagttg accaaaataa tatctgaaga1320
tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg1440
cattettaaa atattagata eeaggtagta tatattgttt etgtacaaaa atgactgtat1500
tototoacca gtaggactta aactitgtti otocagtggc ttagctcotg ttoctitgqq1560
tgatcactag cacccatttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaata1620
gataatttgc tgcatgttaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttcctaa1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag1860
ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca1920
ccctgtggtg Caacacttga aagacccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta2100
gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaaataaa tatactaaag2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaag ggggaag
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 911 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23:

```
ctggtttgtg cgcccgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgtagcggg tttcgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaaccc 180
agecgaeett gageteeagg agttegtete ttaegtetge ggaagtgeag etgeeteagt 240
tettagegea ggttgacaac tacaggeaca agecattgaa getggaatgt cetgttgetg 300
qtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgac aatgctggtg gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcatg ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgttagggac aggctgcccc 540
aggaccactc cgcccccgct aactcaatgc agctgaccct taccctgaat actctgcagc 600
tgcattcctg aaccgttatc taggcgctat agcaaggtca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacaccccct tgtaaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcatgagat tatatgtggt aaagttaatt 780
gactaacaac cccagggtct ctctccccca tataaacccc tcattttgta agctcagggc 840
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24:

```
cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggcgtc aaaggtgaag caggacatgc 60 ctccgccggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120 cgggctacag catgctggcc atagggattg gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180 tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcatcgcgc 240 tgttgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300 tggaggaga ggccatcatc atgaaggacg tgcccgactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360 tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420 aggaggctct ccatgccac cccccttga tgtggtacac gtaggccctg tgcccccg 480 ccacctggat ccctgcact ccccactggg aacggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540 aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtgggcc ccgta 595
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 886 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure(C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```
ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60 cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcacta 120 gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180 gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gccccaatga gttcaaggtg 240 tacatgggcc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300 gggagaagag ccatgaagac agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360 agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420 gtggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaa agctcaacag gtataactac 480 atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540 gccaacttgcc cagggaagtg gaggttccct cttccaatga gaaggaatcc tgccctcacc tcacccttt 600 ccaacttgcc cagggaagtg gaggttccct cttccttc cctcttgtca ggtcatccat 660 gactttagag cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780 tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagttctgg 840 ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacacct taatcgagca tttggg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

ttaaaaaaaa aaccgcctgg tcttggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60 gttagccgtc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120 ggttcaggcc cttaataaag tgtaattatg tattaccagc agggtgtttt taactgtgac 180 tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240 gcccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gaccttttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300 ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360 gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420 tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480 ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540 gtgttctaat tttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600 atttgttgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggtctta ggttaatttt 660 taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720 caagetetga aatteataat eegeagtgte agattaegta gaggaagate ttacaacatt 780 ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840 tatttttatt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900 acctaagact atttaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960 ggtccagaaa caaattttaa actgagtgag agtctataga atccatactg cagatgggtc1020 atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatggtgta ttacctgcta ttgtaattgc1080 ttagtgcttg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacaggtt1140 tatgtaacaa agtaatggtg ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt1200 ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttgtt actcaaagga1260 taagacagac aataatactt cactgaatat taataatctt tactagttta cctcctctgc1320 tctttgccac ccgataactg gatatctttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt1380 taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc1440 agtgtgcagt ttagggttca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgcca1500 aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cacgcattct taattggaat1560 aatggatcaa aaatagtggt tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatcaa1620 ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttgga ggatgtttga1680

```
aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggtcttcc tatcttaacc1740 aacgtttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800 aaaaaagtgg attttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgttagcaaa1860 ctgttatata ttgctaagtt tgttcttta acagctggaa tttattaaga tgcattatt1920 tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggtattga tggagttggt ggattttcct1980 ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgttt2040 ctaacggaaa aaaatgttaa tatggcttt ttgtattact aaaatagct ttgaggattaa2100 ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtcat taaatctgta ttggcagtat2160 gtataatggc atttgctag aataaagtt taccagttga tataaaaaaa acactttga 2273
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LANGE: 1574 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```
getetetget eeggtgeagg egegeaggge geeetggget gggageaaeg egaetgaeeg 60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcgaac 120
agageceggg aegtgegege ttggtgeaeg atectgaagg ggageteega ggggeeeggg 180
tegecaggge tgetgeggee atteceggag eeeggeggg ggeeegegag atactggttt 240
aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagocotgog oggggocotg otgggotgoc totgocotgge gttgotttage otgggoggtg 480
eggacaageg cetgegtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa qgatcttttq ccagaaatga gggcatactq qcctgacgta attcactcqt 720
ttcccaatcq cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgccgccc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agetggaeet caacagtgtg ettetaaaat tggggataaa accatecate aattactace 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960
```

```
gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020 ctaagcaaga ccagcagtg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tccccaagc1080 aggaagtctg gctggcaaat ggggccgccg agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140 gcccagtctt ctatcccca cctaaaaaga ccaagcattg atgcccaagt tttggaaata1200 ttctgttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa1260 gtgaagtctg tttattttgc tgtttcccct ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggccc1320 tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380 tgtttgggc ttggggataaa ggtcgcggga ttgttaggg ttttttctct gttaaactct1440 tcagtgcccg ggtagatcag gcagggatac ttgggatta gacaggtggc accggttcag1500 ggggactccg ctgggcgag gttttcccc tgggagccgg cttgctgct ttggggaagg1560 ggccctggaa aggc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3070 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```
ccggagtgtatttaatcggttctgttctgtcctctceaccaccccaaccccttceacc60ggtgtgtgtgccgctgccgcgcgaccgccgagcttcgtcagcctgcgcagcccctcacag120gaggcccagcccgagtgcagtccagaagcccccccagcggagggcgccagagtaaaagagc180aagcttttgtgagataatcgaagaactttctcccccgtttgtttgttggagtggtgcca240ggtactggttttggagaacttgtctacaaccagggattgattttaaagatgtctttttt300atcccatctcaaatcattctgttaaccaccattccaacaggtcgaggagagcttaaacac420cttcttctctctgccttgtttctcttttattttttatttttcgcatcagtattaatgttt480ttgcataactttgcatcattataaactttctttgtcaatctatggacatgc540ccatatatgaaggagatggtgggtcaaaaagggatatcaaatgaagtgataggggtcac600aatgggaaatttttttttttaaaagaaaagttattaccatgtattttgtgaggcaggt720ttacaacaccacaagtcttgagttaagaaggaaagaggaaaaaagaaaaaacaccaatac780ccagatttaaaaaaaaaaaaaacgatcatagtcttaggagttcatttaaaccataggaact840tttcacttactcatgttagctgtaccagcagtgattaagtagaactacaagttgtata900
```

ggctttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccaqca 960 gggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaa1020 gtttgcaact ttccaccetg cccatttttg taaaactgca gtcatcttgg accttttaaa1080 acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaat ggttactgtt tatactgtgg1140 tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200 aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatac1260 tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattqc1320 tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa1380 atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440 taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttattgtg1500 gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560 aggaagatet tacaacatte catgteaaat etgttaceat ttattggeat ttagttttca1620 tttaagaatt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt1680 tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa1740 gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaattttaaa ctgagtgaga gtctatagaa1800 tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaatgtgt ttcaaaaatt gatggtgtat1860 tacctgctat tgtaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920 taccttaaga aaacaggttt atgtaacaaa gtaatggtgt tgaatggatg atgtcagttc1980 tcttgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100 tagtttacct cctctgctct ttgccacccg ataactggat atcttttcct tcaaaggacc2160 ctaaactgat tgaaatttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220 ttttgctgtt tttgagcagt gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt2280 gtaacaactg aatgccaaat cttaaactca ttagaaaaaat aacaaattag gttttgacac2340 gcattettaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgacettace aaacaccett2400 gctactaata aaatcaaata acacttagaa gggtatgtat ttttagttag ggtttcttga2460 tcttggagga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg2520 tettteetat ettaaccaac gttttettag ttacctagat ggccaagtac agtgcctggt2580 atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640 aaaatcctgt tagcaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700 attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760 agttggtgga ttttcctcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820 tttgtacatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880 aatagetttg agattaagga aaaataaata actettgtae agtteagtat tgtetattaa2940 atotgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtggtt acaaaatact tcctctgggt3000 tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaat aaagttttac cagttgatat3060 aaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```
tggggctgga gtgcactagt ctttttgctt ggtagttttg catggtttag ggttaaaaat 60
aattoogaag atacaccago toacaaatga aaacgtoago ototgogoca cootocotoo 120
tgcccaaagt gaatttggta ctcagaaaag aactgtttat accactcacc tttctcccag 180
catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240
graggaaact caatattott ototaaccat atacgatagg gotottogot tttaatgata 300
totgggattt ctgtggaact tggcaaattt tcagagcacc ttcactcaca taatgtcatt 360
tgaacctcac aatgttcttg ggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420
gcagtgctgg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480
actitgagea aggetgeett ettgtagatg actigetgit etttatgaea gggareagig 540
gcatttgttt cctagcagta tttagcacct ttttgccacc ttggtgaaca gaaaattgta 600
rtttcctgtc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatgggaa ttttaaatac gtttgcagaa 660
actgcccctc ccctcattga gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720
tgggtctccc tccccatcct ggtttccacc ccgggctggc tagctctgtt ggtttgaaga 780
ctgacageca geetggetea tteteattat tggetagtta getttettta teaacetget 840
cactcacaaa tgtgtgccct cagccagaga gtaagaaagc ccaaatctgt tacagcttct 900
aaaaaaatag atttctaatt tgtcctactc atgttaggag cattatcttt gaaggtaaaa 960
catagtgtat cattgtgtaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggaq1020
gcttcagcaa tggaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtcc aaagtggtcc1080
gagttettaa atecaggtag ggaacteaet ettettett etetggaeet aattgggeat1140
tgggctttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctcctg taggctttta attcaatggc1200
aactctattt caaagaataa aagcctttgg agagttgcgg cagttctggg ggcgggctca1260
ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac1320
ttcccacctc ctctctttg ctctgatgct tgcctctggg cctctccatg cccaaggtgg1380
totttcatcc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcgagtctg1440
taaaccagag ctggttctca tggccttcgt cacgatacca ggatacggag gggagcccag1500
ggccatccat acccaccca gggtaacggg gctggcctgg cattagtcat tatttagttt1560
ccaggccaac catccagata gagattccct ctttcctttg agcagtgctc tcaagagctc1620
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcat cctgctcatt gtcagtgtag cccctcgccc1680
ctatattcat ccaggatact tggaagtgct aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt1740
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aaatgttctt tgaaaaaacc1800
aaagttttaa gatttgctgt gtgatgaagt gacagggagg gccggagtca gcaggtgccal860
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc1920
tgccctagca gagcccaggc cttgccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt1980
tgatttcttg gttaggttgc attataataa caagagtcag aacattaatt cgaaacaact2040
tgcagtatgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgtttat aaggaataac2100
ataaactaat ctgtaccttt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgta2160
tagtgtacat ggtaatgatt tattgctatg ccccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220
cgcatgccct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacctcct2280
grgrtriggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa2340
atgctcaggg tececatgtg cetgttgtte agecetetet ettgtteeet ttetgageat2400
gtggtccttc cccaqqctgt gggacagctg ccttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaaqccagac2580
cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttctttagca ttqtqtaaat2640
aaalotgaat gigittaact tigtaciggi aattitotgi atattiggaa taitigggit2700
2751
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/47669 127

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```
egteetttea teegggegtt tgeetgeage aagatggegg eggteteaat gteagtggta 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaagggca gtggctgtag ctgccctttc cgtttccagg 120
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatatcacta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccagggagcg atgggaaaat 360
cetttgatgg gttgggcate aacggetgat ceettateca acatggttet aacetteagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaaggttc caaaacccaa gtccaagtct tatggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaataca tctcttaatc tcctaataaa 660
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaa aaa
                                                                  693
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1054 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```
gcagetcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctqct 60
gcagatetee acgeggeegg aggatetegg ggagacagte tgeteeetea agttegeega 120
ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc agggtcccgc gctcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gctcaccggg accccctgca cccctacgcc 240
gtcccctggc agtcctccat gccccagtcc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcggccctg cccatggggt ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gaccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgtgcct gctgaagtga tcaccccccg ccccagccc tgcatcaggc 540
cacaggtett ggetttetee ttateaccat ttgetgttat cacggeacae ageagggaat 600
cccaqqcccc cccqccaaqt gqttacccaa qtcaccactc ctqacccaaa aatcaqqcat 660
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaaggtg ctacctcctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggactica ggctggatcc accactgggc tetecetece ecageetgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgtagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggt tgtgcccagc tgggccacgg ccatgcgtgg1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```
aaaaatattt gctggaaagg acggtgggag gattacaggc gtgagccact gcgcccggcc 60 acattcagtt cttatcaaag aaataaccca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120 aatattaagt aaaaaatata agaaaaggtt atcttaaata gatcttaggc aaaataccag 180 ctgatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcatct ccaaaaacag taaaaataac 240 cactttttgt tgggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300 actgcctgaa ttgagaattt tgatttttta aagtgtgttt ctttctaaat tgctgttcct 360
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```
cggctcgagg ccattcacca acccggcccg caaggacqqa gcaatgttct tccactqqcq 60
acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180
agaaactgac cacctetttg accteageeg eegetttgac etgegttttg ttgttateea 240
tgaccggtat gaccaccage agttcaagaa gegttetgtg gaagacetga aggageggta 300
staccacate tgtgctaage ttgccaacgt gegggetgtg ceaggeacag acettaagat 360
accagtattt gatgetggge aegaaegaeg geggaaggaa eagettgage gtetetaeaa 420
ccggacccca gagcaggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
ggcccggaag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600
gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcatcaagt ttccagactt 660
caagtotgca ggtgtcacgo tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtggaaca 720
gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
acctacggag qaqctqqtqc acatqttcaa tqaqctqcqa aqqacctqqt qctqctctac 840
gageteaage aggeetgtge caactgegag tatgagetge agatgetgeg geacegteat 900
gaggeactgg eccgggetgg tgtgetaggg ggeeetgeea caccageate aggeeeagge 960
suggesticts organized agreement and suggesting of street organized calculations are suggested as a suggestion of the sug
atcattgatg tggtgggcgc acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
tocagotoat ottoogtgaa gaaagooaag aagoogtgaq agggcocacg gggtgtggggc1140
şacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60 ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtcc atcttgaaga 120 totoccaaco toaggagoot gagottatga atgocaacoo ttotoctoca coaagtoott 180 ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240 tettgaaagt gateggaaag ggeagttttg gaaaggttet tetageaaga cacaaggeag 300 aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360 agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420 tgggccttca cttctcttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480 atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540 gtttctatqc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcqttt 600 atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660 actteggact etgeaaggag aacattgaac acaacagcac aacatecace ttetgtggca 720 cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780 ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840 gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900 ttacaaattc cgcaagacac ctcctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960 tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact1020 gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccal080 acgacctacg gcactttgac cccgagttta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggcal140 agtcccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag1200 gettttecta tgegeeteec aeggaetett teetetgaae eetgttaggg ettggtttta1260 aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agrtagcctt ttggtggagc cgccagctgal320 caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact1380 gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctcctcagtg agctcatgag gttttcattt1440 ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gttagagtgc cgccttagac1500 ggaggcagga gtttcqttag aaagcggacg ctqttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg1560 tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc1620 caaaqctttt cctatcqcaq tqtttcaqtt ctttattttc ccttqtqqat atqctqtq1680 aaccqtcqtq tqaqtqtqqt atqcctqatc acaqatqqat tttqttataa qcatcaatqt1740

```
gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggaagataa1800 atttatgtgt agacttttt gtaagatacg gttaataact aaaatttatt gaaatggtct1860 tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920 tagaaagggt ttttatggac caatgccca gttgtcagtc agagccgttg gtgttttca1980 ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt ttttttttt gcattcctga2040 taattgtatg tattgtata agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100 acttacaggc ttatttgta tgtaaaccac cattttaatg tactgtaatt aacatggtta2160 taatacgtac aatccttcc tcatcccatc acacacttt ttttgtgtt gataaactga2220 ttttggtttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaa ggggcggccg2280 c
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```
gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
georgeoutg egeacteace atqqeqatqc attteatett etcaqataca qeqqtqette 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcctg ctggcatggc cctttcggtg ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgcagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaacccacca caggtggtat ttgtgtcact 360
ttggccagtc tctaatccat gtcatccagg tggtcatcgg ctacttcatc atgctggccg 420
taatgteeta caacacetgg attiteettg gtgtggtett gggetetget gtgggetaet 480
acctagetta eccaettete ageacagett agetggtgag gaaegtgeag geactgagge 540
tggagggaca tggagccccc tcttccagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagcccct qgaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggaqtt cggaagccat tgcaqcaacc ttccttctca gccaqcctac atagggccca 720
ggcatggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccagggagaa gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agetetectg etttqtgeet tatetacaqq ageateqeec attggaette etgaeetett 960
```

ctgtcttga gggacagaga ccaagctaga tccttttct cacctttctg cctttggaac1020 acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagtttttt tatttttccc1080 attgaactcc tagttggcaa ttttgcacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140 tcattgatc atgatggatg gcagaaactg ctgagaccta tttccctttc ttggggagag1200 aataagtgac agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260 ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320 tggccgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatctt1380 cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tcctcattt1380 cttactactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaaatac1500 tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacatttt1560 tgagttagat ggggaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaaagatgg ttgtaagct1680 tgggaattaa aaacaaacaa atacattta gtaaatatat aaattttaaa tagaaaaaaa1740 agaaaaaagt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```
ggtctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attatttaat 60 aagtcatcgg tgattggtcc gccctgagg ttaatcttaa aagcccaggt tacccgcgga 120 aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180 tgcggcgcttg cgcttcgctt cctggccctc gtttcctggg acatccctgg ggctagagca 240 ctggacaatg gactggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcactggga gcgcttcatg 300 tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360 atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420 gatgactgtt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480 cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgtc acagcaaagg actgaagcta 540 gggatttatg cagatgttgg aaataaaacc tgcgcaggct tccctgggag ttttggatac 600 tacgacattg acagtttgga aaattatggca gatggtata accactagt cttggccctg 720 aataaggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780
```

```
caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840 attgatgatt cctggaaaag tataaaagagt atcttggact ggacatcttt taaccaggag 900 agaattgttg atgttgctgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960 aactttggcc tcagctgaa tcagcaagta actcagatgg ccctctggc tatcatggct1020 gctcctttat tcatgctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcct1080 caggataagg acgatatgc catcaatcag gaccccttgg gcaagcaagg gtaccagctt1140 agacagggag acaactttga agtgtgggaa cgacctctct caggctaac ctgggctgta1200 gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgctct ataccatcgc agttgctcc1260 ctgggtaaag gagtgcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctct ccctgtgaaa1320 aggaagctag ggttctatga aatggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc1380 actgtttgc tcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaaagactt acttaaaat1440 gtttaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 831 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```
ggagtcctc ttgctcacc ttgacttgga aaaaccagtt tctctttat tgtctgttac 60 taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120 agctaccttt actcctct cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttc 180 tgacagggtc tcactttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240 cagctcaac ctcccagagg cggggttca ccatgttgc cagactggtc ttgaactcct 300 gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360 ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagaagaaaa tcaactattc aggaccggcc 420 cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480 ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540 agccaccgcc accaccgccg ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600 agcagcagca gcaagagtaa ctctgacta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660 caatgaagaa ccgcagatgg gaaccttaat ctttctttc taaaattgat gctatgaaaa 780 tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
acgaagetga eteetggeea ggecageee tggtteeeta eecatacee tgtgagettg 60 egeageteae geettacete eeteeetg gtetgeagat eteteaette aagatteega 120 agtacategt gtttgteaea aactaceee teaceattee aggaaagate eagaaattea 180 geeggttgge egagatggaa egacatetaa atetgtgaat aaageageag geetgteetg 240 geeggttgge ttgactetet eetgteagaa tgeaacetgg etttatgeae etagatgtee 300 eeageaceea gttetgagee aggeacatea aatgteaagg aattgactga aegaactaag 360 ageteetgga tgggteeggg aactegeetg egacaaaggt geeaaaagge aggeageetg 420 eecaggeeet eecteetgte eateeeeeae atteeeetgt etgteettgt gatttggeat 480 aaagagette tggtttettt ggetaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

WO 99/47669

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44:

```
ggctttgtcc tttgctcCtg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcaggttcc 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctqaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctgqaqtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaatggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggtcgg gcccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgatttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgttagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccaggtga gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgcccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttaa caggattctg ccccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat1020
ttaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45:

```
acttcctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tettggeete acatacagtt ggtatatgaa ttettettga gatttttgga gageeetgat 120
ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatqqqaaat ttcttqqatt aaqaqcattc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctaqcatat 480
tgtgttgtac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagaggtga tgtttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat tttcaggttg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaatt 780
atgtttgcca gtttgtacaa aatttccaaa qaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaatggaa atgaatggca agcttttcga tgaccttact 900
agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaattt tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatatat1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaatc1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttca1440
cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaaggt1500
atcatcctta cccttctctt tgtctcaccc agaaatatga tggggggaat tacctqccct1560
aacccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaaccaa aattcttcag1680
attgttcctc atqaatatcc cccttcctct gcaattctcc agagtggtaa cagatgggta1740
gaggcagctc aggtgaatta cccagcttgc ctctcaattc attcctcctc ttcctctcaal800
aggctgaagg caqggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcacctagt ccctcctgac1860
ccagggatgg aggctttgag tcccacagtg tggtgataca gagcactagt tgtcactgcc1920
tggctttatt taaaggaact gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta1980
tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca tttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaaaa2160
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46:

```
cgacgggccg cgcgcctggc gcatgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagcctc 60 tgcgcgtcgc cctccacggt taccccggct ctccgccct ccttctcgcg gcgctcgagg 120 gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcggtt 180 ggtcaaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240 aatgaagact gaagacggtg aaaattatga cattaaaaag caggcagaga tcctacaaga 300 atccaggatg atgatccag attgccagcg caggttggaa gccgcatatt tggatcttca 360 acggatacta gaaaatgaaa aagacttgga aaacttttct cgtatgggt ggtttttgca 480 ttaaatcctg gggtccattt tacaatccat tatttttgac cactgctaat tgtggtcaag 540 gagggatgag gaattgtcga ttggttttta gctggttaca atataagat cgtttgcga 600 atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa 642
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47:

```
ggcatctggc agagggggt ggggctgggc cagctgggt agagcggagg agcgggtgcc 60 ggctgaagcg gggcggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120 agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggt cgcggacagt cagggcgcag gtgggcagcg 180 cgcacggcct gccagcccg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccg 240
```

```
cgcccgccgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cgqcgqcgac 300
ggctaccgtg Ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
gaageggaae getgegteet caeegaaege gggetgeage tettegagge caagggeaeg 420
ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcatcaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
accgggcgcc acatetactt cacgetggtg accgaagggg eggegagate gaetteeget 540
gccccctgga agatcccggc tggaacgccc agatcaccct aggcctggtc aagttcaaga 600
accagcaggc catccagaca gtgcgggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgctqagqtc 720
aaggcagctt cgttgttccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
qaqqqcaqaa qqctacqcaq qqctqaqqat qaaqatqcaq cccctqqatq qtcccaqact 900
ctcaggacat gcccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactqct1020
cttagccccc tggctttgtg ccaggcctgg aggagggcag tcccccatgg ggtgccgagc1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtaccaaaag gagtacccag ggcctggtac1140
ccaggcccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta1200
aagcccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg1260
conttactit geacactic teccecact ctacgeater tecceccact geggtqttcg1320
gcctgaaggt ggtggggtg aggggggtt tggccattag catttcatgt ctttccccaal380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2949 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48:

```
gegeaggege agtggtgage ggeaacatgg egteeaggte taageggegt geegtggaaa 60
gtggggttcc gcagccgccg gatcccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa qaaattactg cagcagcttt ttctaaaqqc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttgggagtgt gattaagcaa acggatgttt 360
```

```
cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgaggtttt tggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtgtg ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatgaca 540
ccaccaagcc tgtgggcctt ctcctaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgcccat gtaccagcag cttcagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatgcag 780
aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840
gcgacacttg tctgggaggc aaatggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900
ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaaa attaccagaa1020
aactcagtgg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaaa1080
agtagggttc tgtcccatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140
tggtcaaatt atgagtggtt gatttaaaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaatttaaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgt1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tcgcgtcatg tatctcccat1320
atccagcagt tcagccatcc agctaccttt gggaccctgc tgcaccttgt gtttgctggg1380
gagtcactgg agagtgcatc tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgctgttc1440
cttattcatt gttgacacag gggataggtg atccactact tgctgtagaa tgtccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagag1620
gacccactct ggcatcttct tggtgattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccgag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagtg ttttccttgg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaataac1860
atctgccatt ctgagtgctg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gagttgtgtc ttggtaagcc ttgtaaatgc tgatgagggt1980
aaagtgatct ccttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaaactct gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgctgc2220
cagataatct aagtetteea atgeetgeat caaactttet ggtgetggte tgtteatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttgttag2340
gttggcttcc tgcatttctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttcctgaaga agatgagcca agaatctgct tgcgtatctc2460
tgcctggctc tggctgatgg gctgcatgac gagcgagttt gctcttattc tcgggttgta2520
cacctttctt ctttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tcttctttga taaacttggc atctttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca tttctctttt ggatacaaag gaacaaccac2700
cagtteteca agatetgggt traggtraga teettgatag acagttteae agaetttete2760
aatatettgt teacaggeea gaaagaetae aatgteacet tteteaceeg agtggtgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaatccttt tgagcctcac taaggtacac2880
aacctccaca gggtgtttat ttttcacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgct
                                                                 2949
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 665 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagacceg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60 cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcggt aggcgtgtgg gggcggagcc 120 agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180 caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240 tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300 atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360 ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420 agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480 atcccaaatt tgaagtcatc gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540 ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600 cataactgtc aaatgtctt ttaattctga gtccaaataa attattggt gatgttgaaa 660 aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50:

```
tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccttccat tcctgtactc 60 aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacac 120 gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaaaccctt 180 catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240 tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300 aaacttaaaa acaaaagcaa gttgtcctta aaagttcttt ttttaagtaa attgttgaca 360 tactgcaaat tttctatgca aacttgcctc ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420 aaacatttgt gtttcaacaa ggggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480 catagttctt acaccacct tttgtagaag tattttttc tctgtaatat ttttattgc 540 tcataaaagat gttttcatat ctgaactcct aaaataagtga aattacagta gattatatta 600 acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gacttttaa aaatataact ttttccttaa 660 agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720 cacccctaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgta gcgcattct gaatctaggc 780 aaatcctcct tttaccgtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840 gatctctagg aagggctgtt aggtaccaat tctgttttt caactttgga aggtaaaaac 900 cccg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```
cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60 gccttcgagg tgccttaggc cgcttgcctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120 cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaaggtgtcc 180 gaggcccgca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240 attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300
```

```
ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattet tatgatatgg cattaaatta tttecatata ttatataata ggteetteea 600
ctttttggag agtagcaaat ctagcttttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatattt cttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattett tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tecetaacae tttettgaag gteagggget ttatetatga aaaagtagta aatagttett 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg cttttagttt ctcttaatca aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaaq1080
taaaagactet gteatgeaaa tttaaeeeea tattittttt tteeetgtet eegtgacaael140
cagtggttct tcatttttga tcatgcgaaa tgcatcttga cccagatggt ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```
gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gcccagcgga gggtggaacg gcgtcggcgc 60 gagcttgtgg gccgcgctgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggcggtgtc 120 cgagccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gccggcggc gtcgtgcatt ccttctccca 180 taacgtgggc ccgggggaca aatatacgtg tatgttcact tacgcctctc aaggagggac 240 caatgagcaa tggcagatga gtctgggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300 catctggagg ccccagggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360 gggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420 tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gaccaaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480 ggcattcaaa gctgagctgt cccaagctgt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540 gtgaccagca gccctgttgc gggtggcacc ttctcatct cggtgaagct gaaggggcct 600
```

```
gtgtccctga aaggccagca catcactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660 tgggctgacg ttgccttgtc cggaggggct tgcagggtgg ctgaagcct ggggcagaga 720 acagagggtc cagggcctc ctggctccca acagcttctc agttcccact tcctgctgag 780 ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaga gggtggggaa caagtggggg 840 ctatttttgg ggaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccgggag tgctttaatt 900 gggcttgaaa ccttttttc cggttttcc ccaggggcc gtcctttaa attaaacttg 960 agaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 556 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53:

```
taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcgg 60
agcgggcggc gcgagcggga ggcggcggcg cagagcttgg ggcttccttg gtcgcacca 120
ccacctgcct gcccactggt cagccttcag ggaccctgag caccgcctgg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgc cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgcac acaggggagc ttcgccacgc tgtcctctc cttcccgtcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggcgcctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgcctcctgc tcactttct ccggtgctgc 480
tggttggagg ccaccatcgc catcctctc ttcgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gcccagcaag acctga
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear WO 99/47669 144

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54:

```
cgggggagtg aggagaaagg gggggcttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgagaage ccaaegetga ggacatgaca tecaaagatt actaetttga etectaegea 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tocatgitto ataacoggoa cotottoaag gacaaggigg tgctggacgi cgqctcqqqc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaaggtcat cgqqatcgaq 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggcctcatct tcccagaccg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
acceptcaagg tggaagacct gaccttcacc teecegttet geetgeaagt gaageggaat 840
gactacgtgc acgccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaaqagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caaqqqccaq1080
ctgtgcgagc tgtcctgctc caccgactac cggatqcgct gaggcccgqc tctcccqcccl140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct1200
ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg1260
actgtgtttt tcataactta tqtttttata tqgttqcatt tacqccaata aatcctcaqcl320
tggggaaaaa aaaaaaaaa aaaaaagga
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55:

```
ctctgtctca aaaqagaaaa aaaaaqaaaa gtaaccttca qagattctta qaaqaqttqc 60
tcattcacac ccacgcctt gcccaaggct ggcccactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccacccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaaccaaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ctgggtatga acgggtgcag ccctcttctc ctcttcccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttccttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtccc 540
ttttttgaga gtgaatgggg gagggtggga agggacccag atttgtagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg tttgcagagc ggaagcagag tttggaaacg catgagagca 660
gagettegtg tgtteecace eteagtgagg aggtgtgagt gggtgageat gtggagttgg 720
gtgttcccac cctcagtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cageteetee cateacagat gacageteea ageetagaag gggeteagtg acagggecag 900
gacaageeet caggactgtg geeteetgge eettggttee eetgeeeeac aacatggtet 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg1020
ctgtgcccgg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctggtgg1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttqg tttgtttttc ctatttgtgg1140
ggtattttcc ccctcaggct cctqqqtctg ctgctgcctc aagqtgtcct gaccttgagq1200
ctgatgaggg gacccctgcc tgtttccccc atactgagtt ctagggaggt gctcacccca1260
gactettagg aagggtetag agaaatgaga ggageecaag ecaggggeea geteegagaa1320
agggtaacct ccacgcttct ctctcccaaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac1380
aggctccccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggccag ttaggggtag1440
gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagag1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaaggtgg gcaagtagcc ttggctctct1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgaccta1620
ctgaaaagtt gggaactgag gggtgccttc attccccttt gttcactttc tccagctcaa1680
atcccaacct gtttccatgt agcagaccct tcctagggag cagggagggg aagccacaga1800
ttgcaaaccc aggggctcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatatcct cagcccaaag1860
gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aacccggatc ttgtatcttt1920
gtataacgga tgttatttgt acgaagggca gttcgtaaac agcacttgtt cttttaataa1980
aagaatgttt tgcaaaaaa aaaaaaaaaa tccqaaaaaa a
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 900 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57:

```
ggcggggcct gcgggcggac cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcggga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacggce gatgccgcca tccagccacg ggaccagetg 180
tttgccacge tggacgtcac ggcccacgeg ggcacgetgc cctcacgeat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggctt cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gecaecetgg aagacgtgge ceaeteggat eteatettge acgtgaggga egteagecae 360
cccgaggcgg agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
eccegeteet ggactecatg gtggaggtte acaacaaggt ggacetegtg eccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctcactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660
ggacgtgatc cetgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcgtt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtcctccttg tctggttctg cacccgtctc gctcccagcc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggccggtga cacggccgca cctgccccaa agcgggccgc ccgagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggccctc ggtgcctgct gtgaactgct1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaal080
aaatccagtt ceteetgeac etgeegtgag cegtggeetg gtggeacega eggeeeteel140
gcccggctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac1200
gaaaaatcag gt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58:

```
ctccctaggt acaaatagce ctgggctetg cagctccaca ggctcctgg gtggagtcca 60 aatcactcat tgtttgtgaa agctgagctc acaagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120 gtgtgtctcc tgctggtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatge cgagttctgc 180 ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240 agtcttgcca aatttgatgc ccctccggaa gctgttgcag ccaagttagg agtgaagaga 300 tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360 ttgaagaaat gtagtgtgg acatgtaaaa actttcatcc tggttccac tgctttcaa 420 tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgctt aataaatcac 480 ttgctctcac cgtc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 729 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59:

```
ttttttcct tgggaagcag gagtttattt ttatccttt gtaagtatta acteggtaat 60 cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120 acgattctt tcttcttgaa gtttttcctt ttcctgaatc tcataatgat tcttggccat 180 gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240 ttgccaagca gcgtgaagtt gtctgccca accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300 tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360 cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctge catactgcc cgtgacgatc 420 atctcattca ccttctcac gacctctgca tggtgtctgg tctcctcaac tgggtctggc 480 agaacaactt ctggccaagg tggtgaactc agggatgtt taggaacata tcctggtaga 540 tatgaagtgc tctggaatt gaaccttcga gaagcagacc aaagggaggc tgctccggc 600 cccgaaggtc tcaggatgcc gtggggacgc ggggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660
```

agggaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgcagc ctcggccgga aacggaaacg 720 acgcgaacc 729

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61:

cagaggetet tttttaaate ttggggaaat catacccaet gaggaataga ggecagggea 60 gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggaagcag aaggaggaag acgctggaat 120 cattgtcagg actgagaata tggtgtgagt tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180 ggccagatta atctctttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240 atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcaggtg gtgagctcat cgagagggat 300 ggcaagaagt acaagctctt Ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360 gggggcgtgg ctgagtacag gtatgtgtgg aggcccagga gcttagtaat agtatggagg 420 cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480 ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540 aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggaagt tccttttaaa 600 ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660 gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcatccg agtcacccag 720 caggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780 accagtacte taccatgggg cateceaagt ggggteetea eccateceag etactgeage 840 tetgtattae titigteatti cetgtigtet caeteetgag ggeteetgea gtaaetetgt 900 acttetetat etgeacacac aaaatgeeca aggeacteae tggggaggaa geaaggaage 960 tcctgaagat tattaaaagg aaaagatgct gattggtaca taaatctttt acatggcctt1080 ggtctagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac1140 cttcacatat ctaaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatttg aaatacctca ataaagagag1200 agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct1260 gctgcagagt gggtggtggt agggtcagca ctgacccagt ggggtcaaga acaat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2011 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

```
tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtett caatagetga gatteteeat ettaatetae 120
ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggtttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtccag ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct ccgtccctac acagggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accepticate ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatccl020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgct1140
gccactttcc tcactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgctttctgt1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttatttaaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaal380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcat1500
gcattgtgaa agctttccat accettggce attecetete teetetete ceaaceceat1560
```

```
ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatct aaaccttttc tctgcctggg1620 aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aattttagag1680 aaacaaacgt aggccttgtt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740 atgagatgac ttattctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca1800 cttgcatatt gtgaaccattc tattgaggcc cttctctgtt taatgcatat tatacttgtg1860 cttttaactg tggaatctat ttctaaccta aaggtgctgc cctagtactt ttctttgct1920 gcctctgctg ctcttttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980 actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63:

```
aggggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa qaaaatgaga gaggtagaag
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaag aagacaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attcctttgg catggttgcc atgttggtta 900
aatttgtata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg ttttgtaggt gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgttaatatg1140
```

```
ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctgal200 tgcagaggtt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaagggl260 acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320 gacatgtaat ctttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaal380 aaaattaatg tcctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatgggggg1440 aggggtgggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500 aaattgttt attgataatg gagattgctg tttgatatagt gtccttttt taaaattcagl560 aactttttt attgataatg gagattgctg tttgagttt taaacttaat ctagaacagal620 gagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatagl680 attgttcta caacttgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg1740 attaaatcct ttatcctggg tcttggcttt tcccccattt gttaaatttt tttagcatat1800 ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtct1860 agtgcccaga tgacaagtga tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttgttaca1980 tgggtcattt gattacttg gattacttg ttccatgtc ttccatgtc ctttgtcagt ggttgttaca1980 tgggtcattt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64:

```
gcctggcct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga 60 gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120 tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgagggacc 180 gcgtcttgtc tttgggcctc tgggggacca actccatgc cagctgcgag acctcacttc 240 cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300 ccaggaggcc ctagacccag ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360 ggacgacggt cagcaagcca gcccctacca ccccggcagc tgtggcgcag gagccccctc 420 ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgct ctcggagct ccaccctca 480 gactccggtg gaagtgacg ggggatccc aagcacgga agcggaaacg agcggcacc 600 cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgagggca agaagagcaa gcacgccc 660
```

agaggcacce acctgtggga gttcatccgg qacatcctca tccacccgga gctcaacgag 720 ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgcg ctccgaggct 780 gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840 cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac gggtggatgg ccggcgactc 900 gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960 aactgagggt tggaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaacc1020 ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080 gtqqaqaqaa qctqatqttt tqqtqtattq tcaqccatcq tcctqqqact cqqaqactat1140 ggcctcgcct ccccaccctc ctcttggaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200 tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaaa1260 tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320 ctaggggagc accqtqatqq aqaqqacaqa gcagqggctc caqcaccttc tttctqqact1380 ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactccctaa1440 tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500 cctccccact cctctcccac agagtgctgg actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560 tgggaccett aggatgggge teccagetee ttteteetgt gaatggagge agagacetee1620 aataaagtgc cttctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680 gggCctttgg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740 ctgagggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcaggtgtg1800 ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860 agaacgctta caagacttca tqcaagcaag qacatgaact caqaacactg aggtcagaag1920 catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtcctgttta1980 ggactgattt ttcctattag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040 gcatggctgg ccttgtggaa tagatggttt tgcattccaq ccaagtgtgc tgtaaactgt2100 atatetgtaa tatgaateee agettttgag tetgacaaaa teagagttag gatettgtaa2160 aggtggagat gagtacttgc tgagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220 atagtetttt tetetggggt tttttaattg caacttttae tttagattt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1874 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65:

```
caaaaaaacc tettaatatt etggagteat catteeette gacageattt teetetgett 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tetttgecaa gaeettteaa ageeatttta ggetgttagg ggeagtggag gtagaatgae 180
teettgggta ttagagttte aaccatgaag tetetaacaa tgtattttet teacetetge 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
acccetteca ggggtttaca gtetatttga gaeteeteag ttettgeeae ttttttttt 360
aatetecace agteattttt cagacetttt aacteeteaa ttecaacact gattteeeet 420
tttgcattct ccctccttcc cttccttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
ggtattcgct tgagaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tettteetet gecataaatg attaattaaa tagettttgt gtettacatt 780
ggtagccage cagccaagge tetgtttatg ettttggggg gcatatattg ggttccatte 840
teacetatee acacaacata teegtatata teecetetae tettaettee eccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccatt tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggt tcatgacaat ggcagatgta aagttattct1200
tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc1260
tctagaaaga atatttggtt ttcctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggtattt1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc1440
agtetgggag tggggaagtg atettttgtt eccateetet tettttagea gtaaaatage1500
tgagggaaaa gggagggaaa aggaagttat gggaatacct gtggtggttg tgatccctag1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccatcccctg tgggaaatta1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc1680
aaacccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatc1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg1860
tcaaaaaaa aaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 687 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (C) Tobal Colo
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66:

```
gggccaagtg ccccagtcag gagctgcta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggcccc gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgctc tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag gggtgtg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67:

```
gagcaacgct ggagcatccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tgttcccgct gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaatca 120
ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacagggaac cagcaggtgt tggtgcggaa actggacctg tctgatacta 360
agtctattcg agcttttgct aagggcttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggagt caaccacttg gqtcacttcc tcctaaccca tctgctgcta gagaaactaa 540
```

```
aggaatcage cecateaagg atagtaaatg tgtetteeet egeacateae etgggaagga 600
tocacttoca taacotgoaq qqoqaqaaat totacaatqo aqqootqqoo tactqtoaca 660
gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
agaccagect geactgtgee ttaacagaag gtettgagat tetaagtggg aateatttea 900
gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020
gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccttca1080
aggttttcaa aacctttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt1140
ccagttaaaa ctcagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200
ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcata1260
tgacctgcac agetcatttt cettetgaaa gaaactacta eetaggagaa tetaagetat1320
agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctcccal380
accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaa1440
agactggctc aggagcaggg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca1500
agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

RDTVVGDGTE RSVTASRASA PRPWQSQTDS DSDSEGGAAG GEADMDFLRN LFSQTLSLGS 60 QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120 YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTQNIDTLE 180 RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72 SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP 29 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73: (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73 QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60 ATSLKTQTKN H 71 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74: (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

44

H.TZ.TVYV.TKZ	FPVFSYFLKG	RPRSVLSYCH	TGSKMSTHST.	APNH
OMPATATION!!	FEALPITHO	MENOAPPICH	TOSIGNATINA	LT IVII

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60 NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:77:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77	
GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK	60 105
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:	
(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78	
GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLNV DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMAW SKPRNVQILN MVTRQGALWA NTLGSLALLY SAFGVIIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:79 :	
(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEFS DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60 RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60 VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120 WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180 FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240 HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60 SRIPGVPWCF KPLOEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60 GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:84:

(A) LÄNGE: 195 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60 LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120 ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180 LRESQSYLVE DLERS 195

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:	
(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85	
RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP	39
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:	
(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86	
WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL	37
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:	
(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87	
GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 1	60 100
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:	
(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88	
PGLAAGLATL LLPSPPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 6 SRP	60 63
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :	
(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	

(xi) SEQU	JENZ-BESCHI	REIBUNG: SE	Q ID NO: 89		
	P ASLPAPRRLS L TSAEVQLPQF				60 113
(2) INFORM	MATION ÜBER	SEQ ID NO: 9	90:		
(B) T (C) S	ÄNGE: 153 An YP: Protein TRANG: einze OPOLOGIE: lir	1			
(ii) MOLE	KÜLTYP: ORF	:			
(iii) HYPC	THETISCH: ja				
(vi) HERI (A) O	KUNFT: RGANISMUS:	MENSCH			
(xi) SEQI	UENZ-BESCHI	REIBUNG: SE	Q ID NO: 90		
KWNRERRRL	M AASKVKQDMP Q IEDFEARIAL I GELYGLRTTE	LPLLQAETDR	RTLQMLRENL		60 120 153
(2) INFORM	MATION ÜBER	SEQ ID NO:	91:		
(B) T (C) S	ÄNGE: 141 Ar YP: Protein TRANG: einze OPOLOGIE: lir	I			
(ii) MOLE	KÜLTYP: ORF	=			
(iii) HYPC	THETISCH: ja				
(vi) HERI (A) C	KUNFT: PRGANISMUS:	MENSCH			
(xi) SEQ	UENZ-BESCHI	REIBUNG: SE	Q ID NO: 91		

SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60 LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120

141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92 KMYKFVVFFY VLIILRLLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS 39 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93: (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93 SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94: (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94	
FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 1 MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 1 KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH	180
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:	
(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95	
QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP VGF	60 63
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :	
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60 DAPIHGNPLT HFKT 74

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:
 - (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLLILRR 60 RKLNILL 67

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:
 - (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQLFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60 ISGICFLAVF STFLPPW 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99 TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60 LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120 GAAAALPWPG TR 132 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100: (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100 AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60 WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLWF 120 PWASTLGSWP 130 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101: (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101	
RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQD TQLITVDEKL DITTLTGVPE EHIKTRKVRI FVPARNNMQS GVNNTKKWKM EFDTRE PLMGWASTAD PLSNMVLTFS TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFS TRVSTK	RWEN 120
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:	
(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102	
QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKFAD RVGQVELGPA RRRRVE TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL	RSSG 60 106
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:	
(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPQ KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
RHWPGLVC 308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 388 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPPSPSQQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60
IGKGSFGKVL LARHKAEEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120
FSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180
KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST TSTFCGTPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60 LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120 IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYYLAYP LLSTA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEPD SCISEKLFME 120
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAPQRD SEGRLQADPQ RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIKS ILDWTSFNQE 300
RIVDVAGPGG WNDPDMLVIG NFGLSWNQQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107	
ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSFP ATFTPSPSIP LSSE DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHTTTA GLII	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:	
(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108	
TKLTPGQASP WFPTHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPF NFESRWNDI	QERSRNS 60 69
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :	
(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109	
MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHI WHKELLFSLA KKKKKKKK	PLSVLVI 60 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110	
FFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVR VNSLTFDVPG SELGAGDI	S 60 78
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:	
(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111	
LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAA TRGPRGCGTG PGTVRHV	.G 60 77
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:	-
(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112	
PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 6 DFSVSFVLQI RCPNK	5
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:	
(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113	
DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK	60 LO:
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:	
(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(vi) SEQUENT-RESCHREIRUNG: SEQ ID NO: 114	

	GENYDIKKQA			VVKRLVKEKV YLDLQRILEN	MYEKEAKQQE EKDLEEAEEY	60 120 134
(2) INFORMA	ATION ÜBER	SEQ ID NO:	115:			
(B) TY (C) ST	NGE: 171 An P: Protein RANG: einzel POLOGIE: lir	1				
(ii) MOLE	KÜLTYP: ORF	:				
(iii) HYPOT	HETISCH: ja					
(vi) HERK (A) OF	UNFT: RGANISMUS:	MENSCH				
(xi) SEQU	ENZ-BESCH	REIBUNG: SE	Q ID NO: 115	i		
PQPGAFREPR	GAHDGGGDGY	RAQGGRAGEA	QGGAAAAVEA	ACQPGAPESC ERCVLTERGL WKIPAGTPRS	QLFEAKGTGG	60 120 171
(2) INFORM	ATION ÜBER	SEQ ID NO:	116 :			
(B) TY (C) ST	NGE: 247 Am P: Protein RANG: einze PPOLOGIE: lir	l				
(ii) MOLE	KÜLTYP: ORF					
(iii) HYPO	ГНЕТISCH: ja					
(vi) HERK (A) OF	UNFT: RGANISMUS:	MENSCH				
(xi) SEQU	ENZ-BESCH	REIBUNG: SE	EQ ID NO: 116	5		
VLHVARWKAW ASYGMRGSWH	TCGGGAGAEG RSPLPAVVLP	MDEPWEEGRR SVLQTALSPL	LRRAEDEDAA ALCQAWRRAV	PHGVPSQRLR	LFPLACGGTA PAQGLRATGL NQEASLVPKG TLLPPPLRIF	180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

SKLNSYYGNV PVIEVKNKH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPISQ SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAP ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEEAALT CWKTFLHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360
MADVIRAELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60 VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren (B) TYP: Protein

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120	
RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAES GVGGSSY	SSR 60 67
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :	
(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121	
AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQY QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIF IHENYRING	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:	

(C) STRANG (D) TOPOLO		r				
(ii) MOLEKÜLTY	P: ORF					
(iii) HYPOTHETIS	SCH: ja					
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANI:		NSCH				
(xi) SEQUENZ-B	ESCHREI	BUNG: SE	Q ID NO: 123			
SNMAAPSGGW NGVGA DKYTCMFTYA SQGG YAMAYSKAAF ERESI	INEQWQ MS	LGTSEDHQ	HFTCTIWRPQ	GKSYLYFTQF	KAEVRGAEIE	60 120 175
(2) INFORMATION	ÜBER SE	Q ID NO: '	126:			
(A) LÄNGE: (B) TYP: Pro (C) STRANG (D) TOPOLO	tein 6: einzel					
(ii) MOLEKÜLTY	P: ORF					
(iii) HYPOTHETIS	SCH: ja					
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANI :		ENSCH				
(xi) SEQUENZ-B	BESCHREI	BUNG: SE	Q ID NO: 126			
APPGLFPVAS PELK LSSSFPSLSA ANLL TDKIDRYAQQ DL						60 120 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVLD VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFTIDLD FKGQLCELSC STDYRMR 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNGC 60 SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAEYQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW 120 GRVGRDPDL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130 RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q 41 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131: (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131 QGQDKPSGLW PPGPWFPCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60 SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPQGVL TLRLMRGPLP VSPILSSREV 120 LTPDS (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132: (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

HFSRPFLRVW GEHLPRTQYG GNRQGSPHQP QGQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PHSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSP 60 PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60 GHLCGCGHQA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60 QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAAE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYTNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60 FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120 PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLL GWSPNHSLFV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60 LLDFFFISEP LFKLSLAKFD APPEAVAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138:

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVTILFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP 60 RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120 VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCEL NLREADQREA 180 APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSOS 60 TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEVVKKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120 RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLGKDL VRVEATVIEK 180 TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140: (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140 MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120 SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAAKLKEL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180 181 C (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141: (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141 STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60

YDPRSLYERL QEQKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120

LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:	
(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142	
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSRSRSRN AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV	60 120 153
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:	
(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143	
KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTEVG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS QTNMIVEGAK V	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144	
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP	60 120 144
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:	
(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145	
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW GQKKKNSNMT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN	60 120 176
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:	
(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146 MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60 HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147: (A) LÄNGE: 333 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147 ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60 VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120 SIRAFAKGFL AEEKHLHVLI NNAGVMMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180 ESAPSRIVNV SSLAHLLGRI HFHNLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSGV 240 TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300 DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149: (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1624 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149:

```
TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCGTTT CTGCGCGGGC TCCCGGCGCT
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGCCACGG CGGCAAGTAC 120
TCGCGGGAGA AGAACCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC 180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240
AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300
AAGAAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420
NGACCAGCAA CTCCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540
AGCTCTGGCG GGAGTTCCTG CATCACAAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720
GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAGGGC 780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA 840
GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GGCGTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT 900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGCGCACG 960
AGAAGCTGAG GCACGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNNAGCC1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA1080
ANGAAGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140
CTCTGAANGG CNATTGGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGNA1200
ANGGACCNTG NGGCTCTTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNGCC GTCAGGGTGG1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT1320
GCCGTCGCGA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTTGG GTCTGAGATC GGCCCAGCNT1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTNGA1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500
TACATNAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGCACAGAGT CCTTAAAAAA1560
AAAA
                                                               1624
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STrang: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150:

```
AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCAGT 240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTCACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660
AAGTTCACTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTC ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTT11080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGGAA AATACCATGC1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTTTGTAAA AGGTTTTTTA TACATTTCAA1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTCAT1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAAACGG CTCGAG
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle oDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151:

```
CTCAGTATTA AGCAACAGAA AATGAGACTC ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA 60
CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTCGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA 120
GCACTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGCGAGCAG 180
GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGCA GCCCCAATGA GTTCAAGGTG 240
TACATGGGCC ACGGTGGGAA GCCCTGGGTC TCCGACTTCA GTCACCCTCA TTACCTGGCT 300
GGGAGAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCAG GGAAGGCGGC 360
AGTATTCCCG TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT 420
GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACTCC CAGAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC 480
ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCCGCGTAC CTGTATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG 540
GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAGGAATCC TGCCCTCACC TCACCCTTTT 600
GACTTTAGAG AACAGACACA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC 720
TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGTA AGTTCTCAGA GTGGTCAGGA 780
TGGCTTGACC TGCAGAAGAT ACCCAAGGTC CAAAAGCACA AGGTCTGCGG AAAGTTCTGG 840
TTGTCGGCTG GGCACCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG 900
AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA ACAAAACAAG ACTCTGTCTC 960
TACAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC1020
AGAAGGCTGA GGCAGGAGGA TCGCTTGAGA CCAAGAGTTT GAGCCTGCGG TGAGCTGTGA1080
ATGCACCACG GCACTCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCTCTAC AAGAAATTTT1140
TTAAAAATGA GCCAAGTGTG GTGGTGCATG CCTGTAGTTC CAGCTACTCA GGACACTGAC1200
GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG1260
CACTCCAGCC TGGGCGACAG AACGAGACCC CATCTCAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA1320
TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCTCAGG TGATGCATTG1380
CACATTTGGG ATATTTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTC1440
GCTATCTGCG GGTCCTGTCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTACTGGTGT TTTCCTGTCT1500
TCTCTTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAG GATGATTTTG TCTCAGTTTG1560
ΑΑΑΑΑΑΑ ΑΑΑΑΑΑΑ
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2589 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152:

CAACCAGGGA GATTTCTCCA TTTTCCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60 TTTTATTACT TCTTTTTTT TCGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120 CCACCCTTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTTT 180 TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCTGTTC TGTCCTCTCC ACCACCCCCA CCCCCCTCCC 240 TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCGCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300 GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTTCCC CTCTTGGATC TGTTGAGTTT CTTTGTTGAA 360 GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420 AGGCCTGGGG AGGCGGCTGT GGCCTCGTCG CCTTCCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480 CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCC GCGGCCGCCG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540 CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCGGC CGCCGGGAGC 600 GGGGCGGCGT CGCCCTCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CCGCCGCCGC TGCCCCCGAG 660 GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720 TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCCT CCTCGACTTC TTCGCCCAAG 780 GCCGAGGACG GGGCCACGCC CTCGCCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAAA AAAGAAGCGC 840 TTTTCCTTCA AGAAGTCTTT CAAGCTGAGC GGCTTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900 GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960 GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGGCG GGCGCGCCT CCGGGGAGCA GGCAGCGGCG1020 CCGGGCGAGG AGGCGGCAGC GGGCGAGGAG GGGGCGGCGG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC1080 AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC1140 GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCCGCC1200 GCCTGCGAGG CCCCCTCCGC CGCCGGGCCC GGCGCCCCC CGGAGCAGGA GGCAGCCCC1260 GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC1320 CAGCCCGAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCCA GCGGAGGCGG CAGAGTAAAA GAGCAAGCTT1380 TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTTCTCCCC CGTTTGTTTG TTGGAGTGGT GCCAGGTACT1440 GTTTTGGAGA ACTTGTCTAC AACCAGGGAT TGATTTTAAA GATGTCTTTT TTTATTTTAC1500 TTTTTTTTAA GCACCAAATT TTGTTGTTTT TTTTTTTCTC CCCTCCCAC AGATCCCATC1560 TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTCGAGGA GAGCTTAAAC ACCTTCTTCC1620 TCTGCCTTGT TTCTCTTTTA TTTTTTATTT TTTCGCATCA GTATTAATGT TTTTGCATAC1680 TTTGCATCTT TATTCAAAAG TGTAAACTTT CTTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCATATAT1740 GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGGA1800 AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG1860 TCTTTTTTT TTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTTGTGAGGC AGGTTTACAA1920 CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAAGA AAAAACACCA ATACCCAGAT1980 TTAAAAAAA AAAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTTCATTT AAACCATAGG AACTTTTCAC2040 TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTTT2100 ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAATT ATGTATTACC AGCAGGGTGT2160 TTTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTTGC2220 AACTTTCCAC CCTGCCCATT TTTGTAAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTTT TAAAACACAA2280 ATTTTAAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT2340 TTTGATTACA GCAGATAATG CTTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GGAAAAAAAA2400 TCTTCAGATG CAATGGTTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTTGTAA ATACTGGAGA2460 AGCTTTGACC AATTTGACTT AGAGATGGAA TGTAACTTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA2520 ACTCCTGCTT AAGGTGTTCT AATTTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580 ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2963 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153:

CTGCAACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGAGTCCAC CGCCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCCTCTGG 120 GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCCAGGA GCTGCAAGGA 180 TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATAG CGAGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240 TTACGCCTCC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300 GGACCCGGCC AGGGGCGCCG TCCACAGCAC CCCCAAAGGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360 TCCGGCCGGC TGGCCCGACC CAGAGCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420 AGCCCCGCCT GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA GCGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480 GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540 GCCAGCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600 TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660 AGAGCCCCAC ATCCTCGCGC ACGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCCGAC TGCGCCATCA 720 CAGTCAAGAG CCCTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780 TGCGCACTGG GAGCGCCCAG GCCGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTTCAA 840 TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCAATTT GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCG 900 TCACCCCACA CAGGCTGCGG CATCACCCTC AGACCTTGGA GCCCAAGGGG CCACTGCCCT 960 TGAAGTGGAG TGGGCCCAGA GTGTGGCGGT CCCCATGGTG GCAGCCCCCC GACTGATCAT1020 CCAGACACAA AGGTCTTGGT TCTCCCAGGA GCTCAGGGCC TGTCAGACCT GGTGACAAGT1080 GCCAAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGCGTG GACCACTGGG CCAGCACCGC TGAGTCCTAA1140 GACTGCAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGGCCAGA1200 GTTCAGGAAC GCCGGGCACA GACCAAAGAC CGCGGTCCAG CCCCGCCCAG GCGGGCATCT1260 CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTTGT1320 CTTAAAATCA CTTCGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATTT GTATGGGACT1380 CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTGC ATTCGTGCTG ACTTTGTTAT CCCGAGAGAT1440 CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTTCTCTG TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG1500

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560 GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620 GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTCGCT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680 CTGCCATCTG CCCCGGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740 AGGAGCCCTG CTGAGGTCAC TGTGGGGCAC GGTTGCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800 GTCATTCTGT GACCACCACC CCCTCCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCG GGAGCTGCAG1860 GTGGGGATGG CTTTGTCCTT TGCTCCTGCT CCCCGTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920 CAGGTTCCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCCAGGC CGTTACATAC CTCCTGCCAA1980 TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCCTC TGGAGTCTGA2040 CCAATTACTT CATTTTGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100 CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTTGGA AATTCACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160 CAGCTGGCAC ACGTGGCCCG AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAACTGTC AGACATGTTT2220 GATTTTAGCG TTTCCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280 CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340 CACTGTTTTA AACTTGACCC TGATGAAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400 AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460 CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTTCGA AGATAAAAAA2520 CTCTAGTCCC TTTAAACGTT TGCCCCTGGC GTTTCCTAAG TACGAAAAGG TTTTTAAGTC2580 TTCGAACAGT CTCCTTTCAT GACTTTAACA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTTT2640 STTCTATTTT TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATTT TTAATTTGAT2700 CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760 TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTTAA CAGAACGTGT2820 ATTTATTAAT GTTCAAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880 GACGAAAAA GAGAAAGTTG TTA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154:

CCGCAGAGGG CCGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60 AGAGCGGGCA CCGCGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120 GCTCCAGGCA GGGCGGCTG CGCTGGCAGC GGCCGCTGAG GTGCTGGCCG GCCGGCTGGC 180 TGGCGACGGG GGCAGAAGCG ACGAGAGGCG CGCTCGGCAC CCGCACCCCC GTGCCCCCGC 240 CTCAGTTGTC TAAACTTCGG GCTCTCTCC ACCGTCTGCG CGCCCAGAGT CAACAACTTC 300 TTCACCCCCC TCCGCCCCG CCCTTCCCTC CGTCAGCCCC GGGAGCTCGC CGCGGCCCGG 360 GGACCAGGAA CCTCCAGCGC TGAGATGTGG CCGTGAGGCG TTGGCGGGCG CCGAGGAGAA 420 GCTCGGCGGC GTCCCGGGGC CGGAGGGCCG TGGGGCCGGG GCGCAGGGGC GCGAGCACCC 480 CGCGCCTCTC CCCCGCCTCC TCCTGCCGTC TCCGCCGCTG CCCGTGCCTT GCAAGCAGCA 540 GCCGGAGCTG CCAAGCGTCA GGGCCGCGGA GATGTCGTCG TCGTCGCCGC CGGCGGGGG 600 TGCCAGCGCC GCCATCTCGG CCTCGGAGAA AGTGGACGGC TTCACCCGGA AATCGGTCCG 660 CAAGGCGCAG AGGCAGAAGC GCTCCCAGGG CTCGTCGCAG TTTCGCAGCC AGGGCAGCCA 720 GGCAGAGCTG CACCCGCTGC CCCAGCTCAA AGATGCCACT TCAAATGAAC AACAAGAGCT 780 TTTCTGTCAG AAGTTGCAGC AGTGTTGTAT ACTGTTTGAT TTCATGGACT CTGTTTCAGA 840 CTTGAAGAGC AAAGAAATTA AAAGAGCAAC ACTGAATGAA CTGGTTGAGT ATGTTTCAAC 900 TAATCGTGGT GTAATTGTTG AATCAGCGTA TTCTGATATA GTAAAAATGA TCAGTGCTAA 960 CATCTTCCGT ACACTTCCTC CAAGTGATAA TCCAGATTTT GATCCAGAAG AGGATGAACC1020 CACGCTTGAG GCCTCTTGGC CTCACATACA GTTGGTATAT GAATTCTTCT TGAGATTTT1080 GGAGAGCCCT GATTTCCAGC CTAGCATTGC AAAACGATAC ATTGATCAGA AATTCGTACA1140 ACAGCTCCTG GAGCTTTTTG ATAGTGAAGA TCCCAGAGAA CGTGACTTCC TGAAGACTGT1200 TCTGCACCGA ATTTATGGGA AATTTCTTGG ATTAAGAGCA TTCATCAGAA AACAATTAA1260 CAACATTTC CTCAGGTTTN ATATATGAAA CAGAACATTT CAATGGTGTT GCTGAACTTC1320 TTGAAATATT AGGAAGTATT ATCAATGGCT TTGCATTGCC ACTGAAAGCA GAACATAAAC1380 AATTTCTAAT GAAGGTTCTT ATTCCTATGC ATACTGCAAA AGGATTAGCT TTGTTTCATG1440 CTCAGCTAGC NATATTGTGT TGTANCAGTT CCTGGAGAAA GATACAACAC TAACAGAGCC1500 NAGTNGATCA GAGGACTGCT GAAATTTTGG CCAAAAACCT GCAGTCAGAA AGAGGTGATG1560 TTTTTAGGAG AAATTGAAGA AATCTTAGAT GTCATTGAAC CAACACAGTT CAAAAAAATT1620 GAAGAGCCAC TTTTCAAGCA GATATCCAAG TGTGTATCCA GTTCTCATTT TCAGGTTGCA1680 GAAAGGGCAT TGTACTTNCT NGGAATAACG AATATATTCT TAGTTTGNAT TGAGGAGAAC1740 ATTGATAAAA TTCTGCCAAT TANTGTTTGC CAGTTTGTAC AAAATTTNCC AAAGAACACT1800 GGNAATCCGA CCATTGNTAG CACTNGGTAT ACAATGTGCT GAAAACCCTA ATGGNAAATN1860 GAATGGCAAG CTTTTCGATG ACCTTACTAG CTCATACAAA GCTGAAAGAC AGAGAGAGAA1920 AAAGAAGGAA TTGGAACGTG AAGAATTATG GAAAAAATTA GAGGAGCTAA AGCTAAAGAA1980 AGCTCTAGAA AAACAGAATA GTGCTTACAA CATGCACAGT ATTCTCAGCA ATACAAGTGC2040 CGAATAAAAA AAAAGCCTCC CACCTCTGCC GGATAGGCAG AGNNTTTTGT ATGCTTTTTT2100 GAAATATGTA AAAATTACAA AACAAACCTC ATCAGTATAA TATAATTNAA AAGGCCAATT2160 TTTTNCTNGG CAACTGTNAA ATGGAAAAAT ATATNNNGGA CTAAACGTNA GCCCTGTGNC2220 TGTATCATGG CCATAGTATA TTGTAACCTT TGTCTAATCA TTGGATTTAT TGTGTCACTT2280 CTGAAGTTTC ACAGAAATGA ATGAATTTTA TCATCTATGA TATGAGTGAG ATAATTATGG2340 GAGTGGTAAG AATTATGACT TGAATTCTTC TTTGATTGTG TTGCACATAG ATATGGNTAG2400 TCTGCTCTGT ATATTTTCC CTTTTATAAT GTGCTTTTCA CACTGCTGCA ANACCTTAGT2460 TACATCCTAG GAAAAAATAC TTCCTAAAAT AAAACTAAGG TATCATCCTT ACCCNTTCTC2520 TTTGTCTCAC CCAGNAAATA TGATNNGGGG GGAATTACCT GCCCTNAACC CCTCCCTCAA2580 TAAATACATT ACTGTACTCT GGNAATTTAN GGCAAAACCT NTAAATCTNN CCAGGCTTTT2640 TAAAGNCACA AAATNATAAA TAAAAGCTGG GAAAGTAAAC CAAAATTCTT CAGATTGTTC2700 CTCATGAATA TCCCCCNTTC CTCTNGCNAA TTCTNCCAGA GTGGTAANCA GATGGGTAGA2760 GGCNAGCTCN AGGTGAATTA CCCNAGCTTG CCTNCTNCAA NTTNCATTCC NTCCTCTTNC2820 CTCTNCAAAN GGCTNGANAG GCAGGGCCTT TNCCAGTCCT CACAACCTGT CCTTNCANCC2880 TAGNTCCCTC CTGANNCCCA NGGGATGGNA GGNCTTTNGA GNTCCCACAG TGTNGGNTGA2940 TNACAGAGCA CNTAGTTGTN CACTGNCCTG GCTTTATTTA AAGGAACTGC AGTAGGCTTC3000 CTCTGTAGAG CTCTGAAAAG GTTGACTATA TAGAGGTCTT GTANTGTTTT TACTTGGTCA3060 AGTATTTCTC ACATCTTTTG TTATCAGAGT ACCATTCCNA ATCTCTTAAC TTGCAGTTGT3120 GTGGAAAACT GTTTTGTAAT GAAAGATCTT CATTGGGGGA TTGAGCAGCA TTTAATAAAG3180 TCTATGTTTG TATTTTGCCT TAAAAAAAAA AAAAAAAAA AAGGGGGGTA GCCA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3080 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155:

GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60 GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120 TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180 TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTTG AAGCTTATTC CCTATCAGAT AATGATTATG 240 ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300 TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360 CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTTT TGGTTTCATA AGCCTTTTAA 420 ATTTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480 TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540 CCACCAAGCC TGTGGGCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTCAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600 CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660 CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAA 720 ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780 AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTACTCAGTG CAGGAGGAGA 840 GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCGAA 900 CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960 TATCTGTCTA ACCCATTTCC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTTGTAAA ATTACCAGAA1020 AACTCAGTGG AGATTTACTG AAAAACTCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAAA1080 AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTTACAAA ATACCAGTTT TTTAAAATTT1140 TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTTCCAAG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200 TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320 ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTTT GGGACCCTGC TGCACCTTGT GTTTGCTGGG1380 GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTCAGT TTCAGGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTTC1440 CTTATTCATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGTCCTTACT1500 TTCACTAGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTTCAGG1560 AGAGATTTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620 GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680 CTGCTTATGT GTCAGCATTA AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740 AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTTCCTTGG AGCCAAAAGC1800 AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTCGCTT GATAATTTCT AAGAGTTCAG CTCGAATAAC1860 ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACA1920

GTACTCACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAAATGC TGATGAGGGT1980 AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCCAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040 TCCATGTGGC ACATGTGAAA AGCAATTTGG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100 TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTCGAGAGTT GTGGATCAAG2160 AGGAAACTCT GACATGATGA TTCCAAATTC AGAAAGATTT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220 CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAT CAAACTTTCT GGTGCTGGTC TGTTCATGAA2280 GTCACAGTGG CCTAGGCCCG CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTTGTTAG2340 GTTGGCTTCC TGCATTTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTTGGAGG CAAATTCTTC2400 AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCCTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TGCGTATCTC2460 TGCCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTTT GCTCTTATTC TCGGGTTGTA2520 CACCTTTCTT CTTTCCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580 AAACTCTCCA GAGCTAGTAG TTAACACCAC TCTTCTTTGA TAAACTTGGC ATCTTTTTTC2640 TGTTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTTT GGATACAAAG GAACAACCAC2700 CAGTTCTCCA AGATCTGGGT TTAGGTTAGA TCCTTGATAG ACAGTTTCAC AGACTTTCTC2760 AATATCTTGT TCACAGGCCA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820 TTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAAA AGAATCCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880 AACCTCCACA GGGTGTTTAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTTCCAT AATAAGAATT2940 GAGTTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTTGCTAG3000 TAAAACATCT TTAAGAAGTC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGCTTCTTT CATGAATATC3060 ATCTAAGATG ATGACCCCAT 3080

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156:

GAGTGAGTGA	GTGTGTTGCA	TCGAATTAAG	GACTCTTGAA	GAGAAGAGAG	GTCCATTCAG	60
GGTTGTCCAG	ATTGAAGTGA	GGTCTCACGG	TGAAAAGAAA	AGGAAAATAT	TCAGACTCTC	120
TTGAAATCCA	AAGAGCAAGA	AGTAAATGAA	CTTCTGCAAA	AATTCCAGCA	AGCTCAGGAA	180
GAACTTGCAG	AAATGAAAAG	ATACTCTGAG	AGCTCTTCAA	AACTGGAGGA	AGATAAAGAT	240
AAAAAGATAA	ATGAGATGTC	GAAGGAAGTC	ACCAAATTGA	AGGAGGCCTT	GAACAGCCTC	300
TCCCAGCTCT	CCTACTCAAC	AAGCTCATCC	AAAAGGCAGA	GTCAGCAGCT	GGAGGCGCTG	360
CAGCAGCAAG	TCAAACAGCT	CCAGAACCAG	CTGGCGGAAT	GCAAGAAACA	ACACCAGGAG	420

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480 GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540 AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600 GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTCG TGGTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660 CCCTTCCAA AGGTTCTGA GGACTTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCCGCCT CAGAACTGCT 720 TAGAGACTIC AAACCAGCAG AGGIGAAAGI CCCIGICATC CCIICAGAII CCAGAGCIGG 780 GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840 TGACTGGCTG AGTGGCTTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900 CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960 GGCTTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATTT CTAACTAAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020 AGTATCTGCT TAAAACCCTT CATCATGATA TCCTGTGGAT TTAAAAACTC TAATTCCATG1080 TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140 GCACTATTAA CTAAAATATG AAACTTAAAA ACAAAAGCAA GTTGTCCTTA AAAGTTCTTT1200 TTTTAAGTAA ATTGTTGACA TACTGCAAAT TTTCTATGCA AACTTGCCTC CTGCTGTTAT1260 CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTTGT GTTTCAACAA GGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320 TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTTC1380 TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTTCATAT CTGAACTCCT AAATAAGTGA1440 AATTACAGTA GATTATATTA ACAAAATACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTTAA1500 AAATATAACT TTTTCCTTAA AGTTTTCAGC TATAGCAAAA GGTAGTTATG TATGCCAGAC1560 CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCCTAGA ACTTTCAGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620 GCGCATTTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTTGA ATGCCCTGAC1680 TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTTCAACT1740 TTGAAGCTAA AAACCCTGAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800 AATATTTCTG TTCACTTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860 TTATGGCATT AATCTTGTTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920 CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980 GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAAA2040 GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTTACT TTTCTTAAGT TGTTTAATTA TAGTTAAGCA2100 ATTTCAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160 CACAACAGCC CCTTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220 TTTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTTATTA2280 CGAGTACTCT GGTTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTTAGTAT TTTGTCTTTG2340 **ATGAAAA**

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157:

ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTTCAACT GTTTTTACCT ATAAGATTTT 120 GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAG GGCTAGTATG 180 AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240 CTTGCCCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300 GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360 TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTTGTGTG CTAATGTCCT 420 AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTC GCATGATCAA AAATGAAGAA 480 CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540 CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTTGAATTCT 600 ATCATCTAGT AATTTTGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTC CACTAGTATT 660 CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG 720 TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCA AGAAAGTGTT 780 AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTT 840 TITTTAAACT AGATCTAAGA AAGAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTTG CTTGAGCCAA 900 AAGACATAGG AAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTC CTAAGAAATA TGAGGTAAAA 960 AGATGAAATC TTTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTTG CTACTCTCCA1020 AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080 GTAACTAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTC GTGAGGGCAT CTAAAATGCC ACTCCACAGC1140 ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTTT CATGGATTTC TGGCCGAATG1200 TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC1260 TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320 GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380 TCAATTTCAG CCTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGCGG1440 GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCCTGA1500 GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560 AAGGCCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620 CTTCG 1625

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1402 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

WO 99/47669 199

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158:

```
TAAAGCTGCG GCGGCGGTTC GCGTTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGCGGCGG
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GGCGGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
CCACCTGCCT GCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTTCCT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGGC ATGGCGCGCG CCTGCCTCCA GGCCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTCGCCACGC TGTCCTCTC CTTCCCGTCC 360
CTGTCGGCTG CCAACCTGCT CATCATCACC GGCGCCTTTG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
GGCTGCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAG TGCCTCCTGC TCACTTTCTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTCCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGCACCT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCTCAC CAACGCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GGCGTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGGTTCGAG GTGTACAACG CCACGCGGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCG CCGTGCTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCCC ACCGCCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCCC 960
ACGGGGAGAT GGCCGCACCC ACAGCTGCCT TTCCCACCAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCC1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGCCC CCGGAACCCT GTTTCTGGAA1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC1140
TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTTAT ATTTACGTAT1200
TCTCCAAAGC AGTGTTCACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAAACAGG1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCACTGGT CCTGGTGCTC1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGGG CTCCTGGTGC1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC
                                                                 1402
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2159 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159:

TAGAATATTC ATGTGAGTTC ATTCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60 TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120 TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180 TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGGCGCAAAA GGAGGCAAGA 240 AGAATGGGAG AAAGTTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300 CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360 GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTTCCT 420 TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACTAAT AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480 AGAACTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAGAA 540 GGAAGTGGAA AAGAAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAACC AAGAACAAGT TCTCCCAGGC 600 GAAGTGTTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660 CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720 GGAAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCCT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780 ATCCTCCCAG GCCTGGGTGC CTACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840 GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCCGAAC CAACACCTTC 900 CTCGAGGCCC CCTAGTTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCCAAG GGTAGATCGG 960 ACCGTTCATG CTGCCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAA AAACTCCTTT GCCTGCATCC1020 TGTGTACAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080 GCCCGAATCG TGTTTGGTTC CTCTTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAC CTGTCCCGCT1140 GCCACTTTCC TCACTGATAT TGGGAGGAGG GCAAGGCCCA GCCGAAGTTC CACTAAAAAT1200 GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAAGGGTT TGGGTTTTAT TGCTTTCTGT1260 TTTTTCTTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTTAAA1320 CATTCTATTG TAAATGAATG TGTTGTTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGGAA1380 GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGA ACTAACCAGT CCTTGATGTT1440 GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGGG TGTCACTTCA CACTCGGCAT1500 GCATTGTGAA AGCTTTCCAT ACCCTTGGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTC CCAACCCCAT1560 TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620 AAATTATTTT ATGTTTGTTT TTGAAATAAA GGATTTAGTT TAAGATTCTA AATTTTAGAG1680 AAACAAACGT AGGCCTTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740 ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800 CTTGCATATT GTGACCATTC TATTGAGGCC CTTCTCTGTT TAATGCATAT TATACTTGTG1860 CTTTTAACTG TGGAATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTTGCT1920 GCCTCTGCTG CTCTTTTCC TTTTCCAAAC AGCAAACTCT GAGGCCATGA GCAGCCAAAA1980 ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040 GAGGAGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTTGACAA2100 CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTCC GCTATTCCC 2159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160:

TCACCCGCCT TAGAAAATTC AAAGAAAGAT GGGAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG ACATTTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120 CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTTT 180 GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240 GAGAAAGAAC GGCGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGT TAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300 AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360 AGGGATCGAG AAAGAGAAA AGAAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGACTATGAT 420 AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480 TAGAAGAGA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540 ATTCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAAGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600 GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660 AACATAAAAA TGAAAGTAAA GAAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720 GAACTGACAG TGTTGAAAAAA TCAAAAAAAC GGGAACATAG TCCCAGCAAA GAAAAATCTA 780 GAAAGCGTAG TAGAAGCAAA GAACGTTCCC ACAAACGAGA TCACAGTGAT AGTAAGGACC 840 AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900 AGCATAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960 CCTATAAATG ATTAAATCTG CTTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTTCGCACT1020 CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTTCCTCTT TCGTGTAGGG AAGTGCCTTT1080 GTAATTCCAT TTATTGCATT GGTGTTTTCA CCCAATTGTT AAGTTTGATA CATGATGCAC1140 AGATTGTTCT TGCATTTTTA TTGTTTGTTT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200 AAAATGTTTT AATTCCTTTG GCATGGTTGC CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260 ACTGCCACTA ATCTATTTT GTTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAGTTA1320 GCATGGCTGT GCTTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380 ATTATAGGAG AAGTATGTGC TGCCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440 TTGTCTACTG TATATTATCT TGGAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500 CAGTTACCTT TAGAGAGAT TTATGAGAAG TTAGTTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560 TGATTTCATC AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCTAAAA1620 TTTATTCACT TAGTTTTCCT TTTTTATTTG AAAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTTC1680 TTGAATTCTT TCTCAGATTT TAAAGTACTA TATTAAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740 TAGCATTCTT GCAGAACCCT ATACTAACAT GTAATGGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800 GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTTA TAAATGGAAA ATCCTTAAAT1860 TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCCTTTTT TTAAAATTCA GAACTTTTTT TATTGATAAT1920 GGAGATTGCT GTTTGAGTTT TTAAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980 TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTA2040 TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG2100 GTCTTGGCTT TTCCCCCATT TGTTAAATTT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160 GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCCAG ATGACAAGTG2220 AATTTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280 ATACTTGATA ATGGCAGTTC CCTTTGTCAG TGGTTGTTAC ATGTGTCATT TGATTACTTT2340 GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400 TAAAATTIGG ACTIGAAATT CTTTAAGATA ATTCACCCAA TTCTTTTTAG AAAAGAAAAT2460 AGAGGCCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAAACT CAGTATTCTG ACAGTGTAGT2520 GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTTTGTTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC2580 GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640 WO 99/47669 202

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTTTA GAAAAATCTC ATTAAATGAA2700 TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTTTCTTT TTTAAGAAAA TTCCTTTGTC TTTTAAATTG2760 AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1711 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161:

TCGGCGAGCA ACGCTGGAGC ATCCCGCTCT GGTGCCGCTG CAGCCGGCAG AGATGGTTGA 60 GCTCATGTTC CCGCTGTTGC TCCTCCTTCT GCCCTTCCTT CTGTATATGG CTGCGCCCCA 120 AATCAGGAAA ATGCTGTCCA GTGGGGTGTG TACATCAACT GTTCAGCTTC CTGGGAAAGT 180 AGTTGTGGTC ACAGGAGCTA ATACAGGTAT CGGGAAGGAG ACAGCCAAAG AGCTGGCTCA 240 GAGAGGAGCT CGAGTATATT TAGCTTGCCG GGATGTGGAA AAGGGGGAAT TGGTGGCCAA 300 AGAGATCCAG ACCACGACAG GGAACCAGCA GGTGTTGGTG CGGAAACTGG ACCTGTCTGA 360 TACTAAGTCT ATTCGAGCTT TTGCTAAGGG CTTCTTAGCT GAGGAAAAGC ACCTCCACGT 420 TTTGATCAAC AATGCAGGAG TGATGATGTG TCCGTACTCG AAGACAGCAG ATGGCTTTGA 480 GATGCACATA GGAGTCAACC ACTTGGGTCA CTTCCTCCTA ACCCATCTGC TGCTAGAGAA 540 ACTAAAGGAA TCAGCCCCAT CAAGGATAGT AAATGTGTCT TCCCTCGCAC ATCACCTGGG 600 AAGGATCCAC TTCCATAACC TGCAGGGCGA GAAATTCTAC AATGCAGGCC TGGCCTACTG 660 TCACAGCAAG CTAGCCAACA TCCTCTTCAC CCAGGAACTG GCCCGGAGAC TAAAAGGCTC 720 TGGCGTTACG ACGTATTCTG TACACCCTGG CACAGTCCAA TCTGAACTGG TTCGGCACTC 780 ATCTTTCATG AGATGGATGT GGTGGCTTTT CTCCTTTTTC ATCAAGACTC CTCAGCAGGG 840 AGCCCAGACC AGCCTGCACT GTGCCTTAAC AGAAGGTCTT GAGATTCTAA GTGGGAATCA 900 TTTCAGTGAC TGTCATGTGG CATGGGTCTC TGCCCAAGCT CGTAATGAGA CTATAGCAAG 960 GCGGCTGTGG GACGTCAGTT GTGACCTGCT GGGCCTCCCA ATAGACTAAC AGGCAGTGCC1020 AGTTGGACCC AAGAGAAGAC TGCAGCAGAC TACACAGTAC TTCTTGTCAA AATGATTCTC1080 CTTCAAGGTT TTCAAAACCT TTAGCACAAA GAGAGCAAAA CCTTCCAGCC TTGCCTGCTT1140 GGTGTCCAGT TAAAACTCAG TGTACTGCCA GATTCGTCTA AATGTCTGTC ATGTCCAGAT1200 TTACTTTGCT TCTGTTACTG CCAGAGTTAC TAGAGATATC ATAATAGGAT AAGAAGACC1260 TCATATGACC TGCACAGCTC ATTTTCCTTC TGAAAGAAAC TACTACCTAG GAGAATCTAA1320 GCTATAGCAG GGATGATTTA TGCAAATTTG AACTAGCTTC TTTGTTCACA ATTCAGTTCC1380 TCCCAACCAA CCAGTCTTCA CTTCAAGAGG GCCACACTGC AACCTCAGCT TAACATGAAT1440 AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA1500 GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC1560 TTTGTGTGTC TTCCTGTTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATTT TTCACAAAGT TTCAAAACAG1620 GCCACAATTA ATTCAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAGTGGC CATTCCAGTC TTTTTGGCAA1680 TGGGAAATGGG TGGGCGAAGG GGGTGTCGGT T

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 271 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

RXGCPRXMPX AKSXXVXXIL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLPD RXLQMLXSPC 60 SPAXXGPAPP AGRXFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120 XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNHPGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180 XSVVXCCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240 SSPENFPEXL RLVPTAFPAW GHPXPVXPGC H 271

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG 60 XACXAAXPRX KXRPAGGAGP KXAGLHGEXS ICRXLSGRXL XXARXQRXSE XXLGXPXPGX 120 GXRXPSVXXT XXLLAXGIXR GQPXRQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180

182

---,

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

wv

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

PVGPXRSPPT SRTRSWRRSG RSXXAXSKPK SXKHXPLPEX XLEIAHEKLR HAESVGRXAX 60 RVEPXSRXXS XALLEGXDXR XLGYTVXEAS AGXCPAGXSX ELGXNEXLXG XWGXPSPAXE 120 XGXXAXXGPX GSWPVAFXVD SPAVRVAGAG TGCRGRKDXF LVTCSRCRRD TXAWWW 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60 NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKULTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166	
QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP	60 100
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:	
(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167	
GSSKMLHLLE SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG TRFLLHILIY GKNDLGSLLC FLVSRVSEEP F	60 91
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:	
(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60 LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120 NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAA ARPVVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMGA 60
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVKVNG DASPAAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEPAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEAA 300
VAPEKPPASD ETKAAEEPSK VEEKKAEEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEEPAA 360
AAASSACAAP SQEAQPECSP EAPPAEAAE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNGTR 60 PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPSGKPR LKVETKVSVE LHREEQGSHR 120 GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTYPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180 TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

SFITAFRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLSTVTA 120
LLLAVQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPI 180
FPQLPPHRPR CLTSVRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDP CSSWA 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 344 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPRPGDQEP PALRCGREAL AGAEEKLGGV 60 PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEMSSS SPPAGAASAA 120 ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAELH PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180 LQQCCILFDF MDSVSDLKSK EIKRATLNEL VEYVSTNRGV IVESAYSDIV KMISANIFRT 240 WO 99/47669 208

LPPSDNPDFD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKFVQQLLE 300 LFDSEDPRER DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:
 - (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

OKSSCCSFEV ASLSWGSGCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60 LAAPAGGDDD DISAALTLGS SGCCLQGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRPCAP APRPSGPGTP 120 PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVDSGRA DGGREPEV

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:
 - (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRRGA STPRLSPASS CRLRRCPCLA SSSRSCQASG 60 PRRCRRRRR RGLPAPPSRP RRKWTASPGN RSARRRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120 SSKMPLQMNN KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:
 - (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein

WO 99/47669 209

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

GVIILDDIHE RSIATDVLLG LLKDVLLARP ELKLIINSSP HLISKLNSYY GNVPVIEVKN 60 KHPVEVVYLS EAQKDSFESI LRLIFEIHHS GEKGDIVVFL ACEODIEKVC ETVYOGSNLN 120 PDLGELVVVP LYPKEKCSLF KPLDETEKRC QVYQRRVVLT TSSGEFLIWS NSVRFVIDVG 180 VERRKVYNPR IRANSLVMQP ISQSQAEIRK QILGSSSSGK FFCLYTEEFA SKDMTPLKPA 240 EMQEANLTSM VLFMKRIDIA GLGHCDFMNR PAPESLMQAL EDLDYLAALD NDGNLSEFGI 300 IMSEFPLDPQ LSKSILASCE FDCVDEVLTI AAMVTAPNCF SHVPHGAEEA ALTCWKTFLH 360 PEGDHFTLIS IYKAYQDTTL NSSSEYCVEK WCRDYFLNCS ALRMADVIRA ELLEIIKRIE 420 LPYAEPAFGS KENTLNIKKA LLSGYFMQIA RDVDGSGNYL MLTHKQVAQL HPLSGYSITK 480 KMPEWVLFHK FSISENNYIR ITSEISPELF MQLVPQYYFS NLPPSESKDI LQQVVDHLSP 540 VSTMNKEQQM CETCPETEQR CTLQ 564

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

KLNHVLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWKE HSLQEASAHH SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60 SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKSL SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPOCIP 120 RMRTMAAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI 180 **QKMHSVN**

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: lin ar	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184	
KEKENIQTLL KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY AVQGQMDEDV QKVLKQILTM CKNQSQKK	60 120 148
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:	
(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(ii) MOLEKULTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	60 103
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185 MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185 MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL LRERDRILDS PKYLTESRAC SDRAHVPQGC LASVGAWLCW MIC	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185 MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL LRERDRILDS PKYLTESRAC SDRAHVPQGC LASVGAWLCW MIC (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187: (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187	
AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEI QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVC IHENYRING	-
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:	
(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190	
LTAARRERAA RAGGGGAELG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLS TAWSLSCGQP RTEAL LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHH HGHRLRGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLK YGTQGNVGLT NAWSIIQTDF RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLH WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVKADT YCA	HRRLC 120 KGLHL 180
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:	
(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YDPRSLYERL QEQKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 1	60 20 68
2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:	
(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193	
PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQVL PGEVLAGAVK HKSSESGNSV KRLKPDPEPD DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 1 KIVSSIFRTN TFLEAP	60 120 136
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:	
(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194	
WCLRCLSWTR SRCSQSRHPG LGGCRYILQQ RGSGWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG PVSVFSHCCH SLSSYASQLL PTLRLGELVL GFYRLHSQFL FHFLLVLLRN SNLLEVISVF LQFFQFFFSS LLFY	60 120 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

LPLRLRLFDF SLLSFLCLLD FSLLLLLLRF PAFLLRLLLL CFLSLLLLLL CFFSFLESLL 60 SSLCRLSSLS SLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120 YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAVLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:
 - (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY 60 FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120 IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMPFPTS AAPAF 165

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:
 - (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197	
TRKERSKEOR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSRSRSN AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSOGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS KERSHKRDHS DSKDOSDKHD RRRSQSIEQE SQEKOHKNKD ETV	60 120 163
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:	
(A) LÄNGE: 335 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198	
RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQTTTGNQQ VLVRKLDLSD TKSIRAFAKG FLAEEKHLHV LINNAGVMMC PYSKTADGFE MHIGVNHLGH FLLTHLLLEK LKESAPSRIV NVSSLAHHLG RIHFHNLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMWWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCALT EGLEILSGNH FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID	120 180 240
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :	
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1712 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201:

```
gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggt tgtcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcategteg ggaceagact egteteagge eagttgeage etteteagee aaaegeegae 180
caaggaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgct tttgcctcct aggcatcacc 240
tgtgccatac cagttaaaca ggctgattct ggaagttctg aggaaaagca gctttacaac 300
aaatacccag atgctgtggc cacatggcta aaccctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaatgctgt gtcctctgaa gaaaccaatg actttaaaca agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tggatgatga agatgatgac 480
qaccatqtqq acaqccaqqa ctccattqac tcqaacqact ctqatqatqt aqatqacact 540
qatqattctc accagtctqa tgaqtctcac cattctgatq aatctqatga actggtcact 600
qattttccca cgqacctqcc agcaaccqaa qttttcactc cagttqtccc cacagtaqac 660
acatatgatg gccgaggtga tagtgtggtt tatggactga ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcagacctg acatccagta ccctgatgct acagacgagg acatcacctc acacatggaa 780
agggaggagt tgaatggtgc atacaaggcc atccccgttg cccaggacct gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgtgg gaaggacagt tatgaaacga gtcagctgga tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagccacaa gcagtccaga ttatataagc ggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgatgtgat tgatagtcag gaactttcca aagtcagccg tgaattccac1020
agccatgaat ttcacagcca tgaagatatg ctggttgtag accccaaaag taaggaagaa1080
gataaacacc tgaaatttcg tatttctcat gaattagata gtgcatcttc tgaggtcaat1140
taaaaggaga aaaaatacaa tttctcactt tgcatttagt caaaagaaaa aatgctttat1200
agcaaaatga aagagaacat gaaatgcttc tttctcagtt tattggttga atgtgtatct1260
atttgagtct ggaaataact aatgtgtttg ataattagtt tagtttgtgg cttcatggaa1320
actccctgta aactaaaaqc ttcaqqqtta tqtctatqtt cattctataq aaqaaatqca1380
aactatcact gtattttaat atttgttatt ctctcatgaa tagaaattta tgtagaagca1440
aacaaaatac ttttacccac ttaaaaagag aatataacat tttatgtcac tataatcttt1500
tgttttttaa gttagtgtat attttgttgt gattatcttt ttgtggtgtg aataaatctt1560
ttatcttgaa tgtaataaga atttggtggt gtcaattgct tatttgtttt cccacggttg1620
1712
aaaagaaaag aaaaaaggg gagggagggg ag
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STrang: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202:

```
caggaggaat tetatgcctg acgcgggagc catgcgcccc etccgccctg ccactcacta 60
gcatcttggg ggggtggccg ctgagtggca ggggacagga gtccactttg tttcgtgggg 120
aggtctaatc tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagttct ttgttcatag 180
cccagtagac cttgttactt ctgaggtaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240
ttgCttcCct aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttt 300
tttaaactag gagaaccaaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagtttgt gtgttgtctc 360
ttgagtttgt cgctcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctggtg gccccgtttc 420
tggtggtctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgccgtg gggccgccgc ctctttcaag 480
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgctcagggc catgctgagg cctgggccgc tgccacgttg 540
gagaageceg tgtgagaagt gaatgetggg aeteageett eagaeagaga ggaetgtagg 600
gagggcggca ggggcctgga gatcctcctg cagaccacgc ccgtcctgcc tgtggcgccg 660
totocagggg ctgcttcctc ctggaaattg acgagggtg tottgggcag agetggctct 720
gagegeetee atecaaggee aggtteteeg ttageteetg tggeeceace etgggeeetg 780
ggctggaatc aggaatattt tccaaagagt gatagtcttt tgcttttggc aaaactctac 840
ttaatccaat gggtttttcc ctgtacagta gattttccaa atgtaataaa ctttaatata 900
eggactttte tgcaaacace aacatgttgg gaaacttgge tegaatetet gtgeettegt1020
ctttcccatg gggagggatt ctggttccag ggtccctctg tgtatttgct tttttgtttt1080
ggctgaaatt ctcctggagg tcggtaggtt cagccaaggt tttataaggc tgatgtcaat1140
ttctgtgttg ccaagctcca agccccatct tctaaatggc aaaggaaggt ggatggcccc1200
agcacagett gacetgagge tgtggtcaca geggaggtgt ggageegagg ectacecege1260
agacacettg gacatectee teccaceegg etgeagagge cagaggeece cageceaggg1320
ctcctgcact tacttgctta tttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagag1380
gtgggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggaacctgt gtccggtatt1440
cgatactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgctggtcc gtgggacggt gcccaaacca gaggctgggt1560
tcatttgtgt aacgacaata aacggtactt gtcatttcgg gcaaaaaaaa
                                                               1610
```

Patentansprüche

- Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

- 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
- Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.
- 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

- 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
- 23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
- Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
- 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
- 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
- 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
- Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

- 31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
- 34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

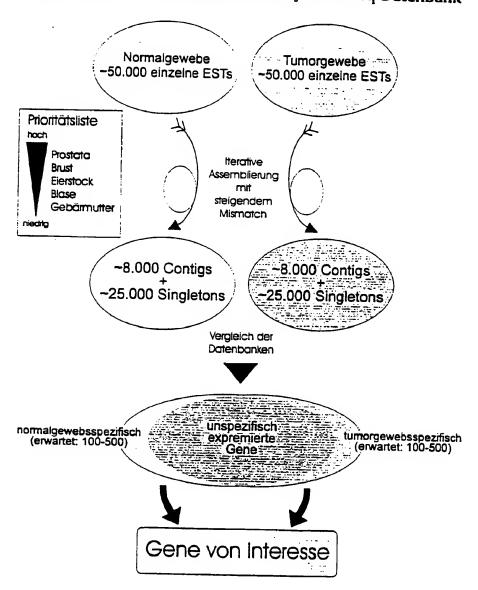
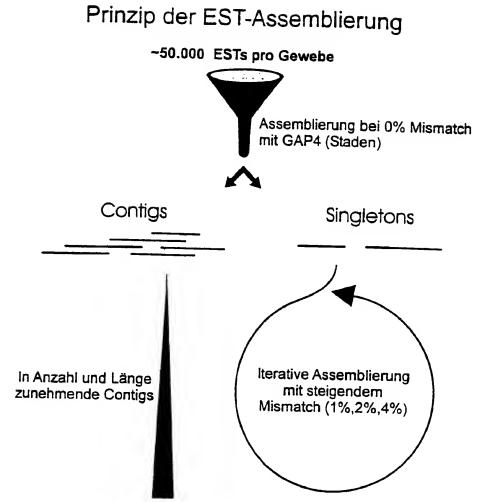


Fig. 1

Driver L. Son



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensussequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

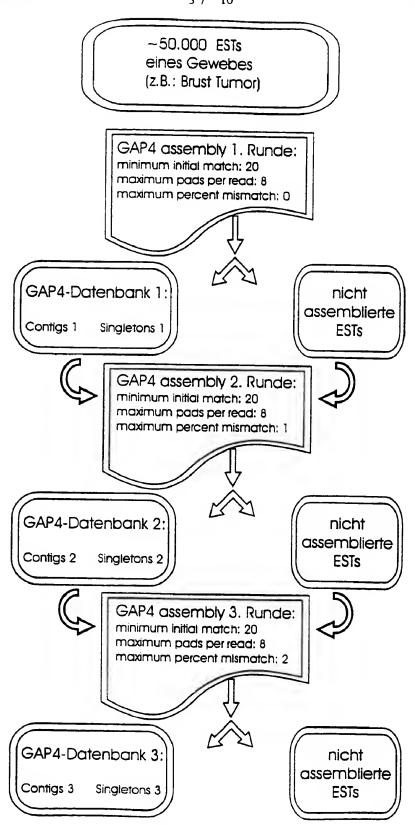


Fig. 2b1

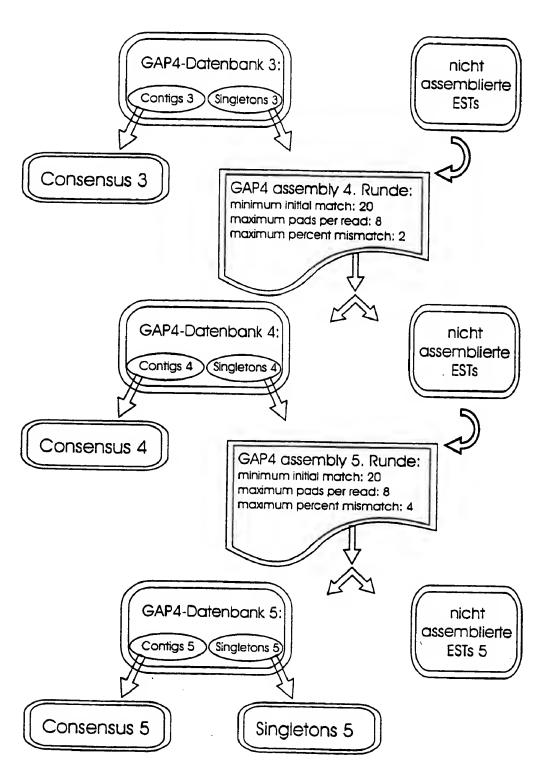


Fig. 2b2

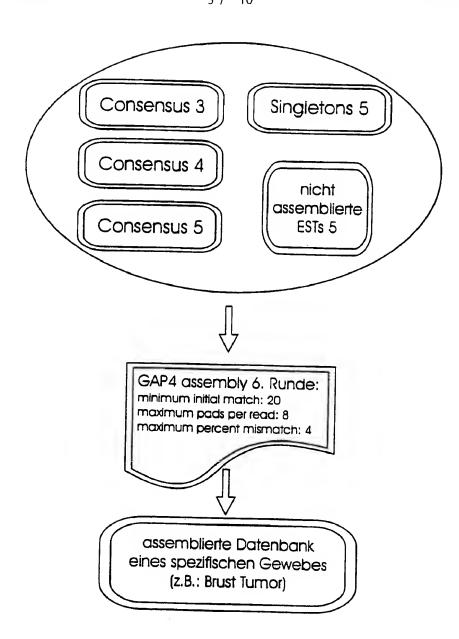


Fig. 2b3

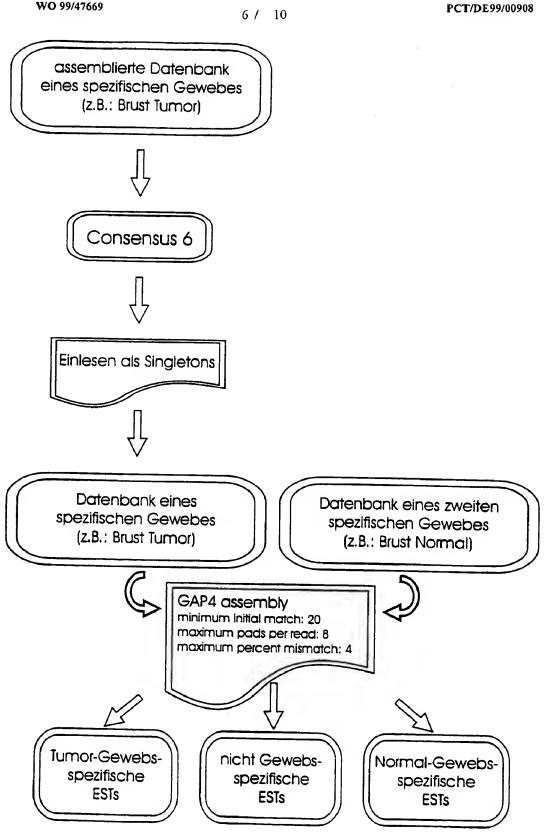
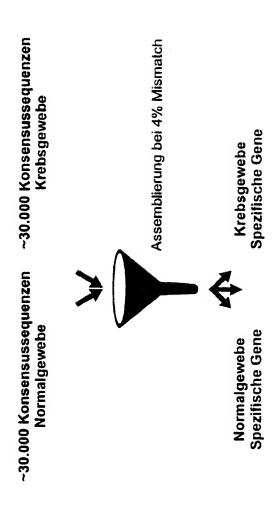


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben



In beiden Geweben expremierte Gene

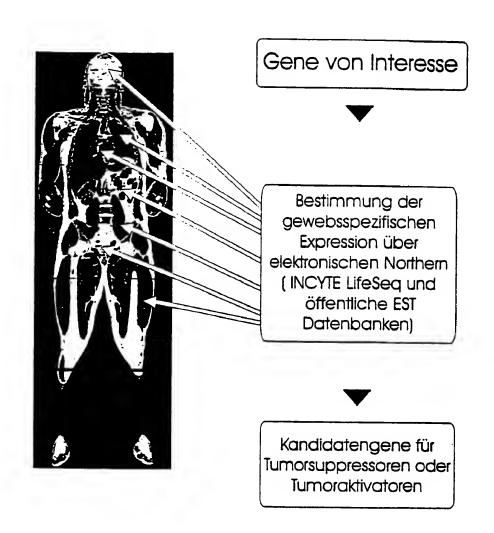


Fig. 4a

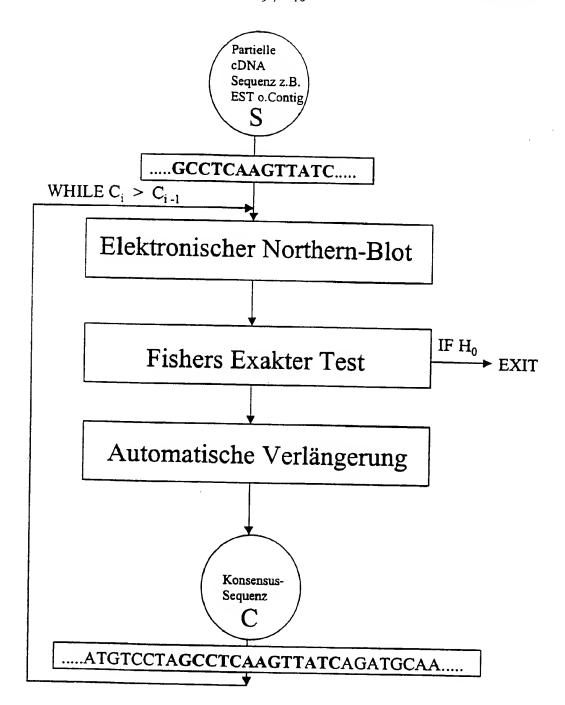
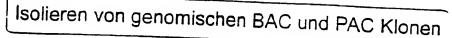


Fig. 4b

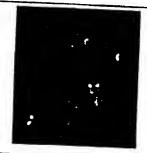




Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen





Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben